

PCT

WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales Büro



INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation 6 : C12N 15/12, C07K 14/435, C12N 15/63, 15/85, C07K 16/18, A61K 38/17, 48/00		A2	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/55858
		(43) Internationales Veröffentlichungsdatum:	4. November 1999 (04.11.99)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01258		(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).	
(22) Internationales Anmeldedatum: 19. April 1999 (19.04.99)		Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>	
(30) Prioritätsdaten: 198 20 190.7 28. April 1998 (28.04.98) DE			
(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).			
(72) Erfinder; und			
(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).			

(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OBTAINED FROM PANCREAS TUMOR TISSUE

(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS PANKREASTUMORGeweBE

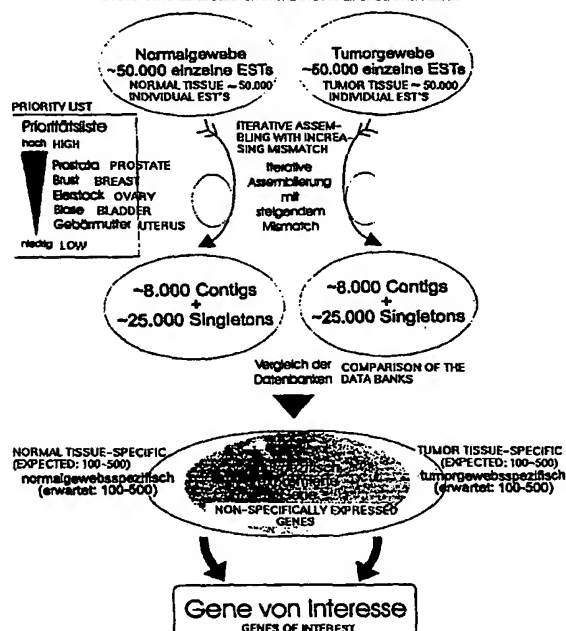
(57) Abstract

The invention relates to human nucleic acid sequences mRNA, cDNA, genomic sequences obtained from pancreas tumor tissue which code for the gene products or parts thereof, and to the utilization of said sequences. The invention also relates to polypeptides obtained via the sequences and to the utilization of said polypeptides.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen - mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Pankreastumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank
SYSTEMATIC GENE SEARCH IN THE INCYTE LIFESEQ DATA BANK



LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LJ	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

Menschlich Nukleinsäuresequenzen aus Pankreastumorgewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Pankreastumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen ist der Pankreastumor, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden

Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

5

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Pankreastumor eine Rolle spielen.

10 Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-88, 90-96, 98-120, 123-140, 142-144, 597-617.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

15

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-88, 90-96, 98-120, 123-140, 142-144, 597-617.

20

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

25

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

30 Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-88, 90-96, 98-120, 123-140, 142-144, 597-617 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

35

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617, die im Pankreastumorgewebe erhöht exprimiert sind.

40 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

45

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor,

50

kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

5 In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia),
10 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7
15 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein
20 Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

25 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.
30

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die
35 exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

40 Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

45 Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine
50 Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No 158-596, 618-659.

- 5 Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No 158-596, 618-659 aufweisen.

- 10 Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

- 15 Die erfindungsgemäßen Antikörper können u.a. durch ein Phage Display Verfahren identifiziert werden. Auch diese Antikörper sind Gegenstand der Erfindung.

- 20 Die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen können in einem Phage Display Verfahren verwendet werden. Die mit diesem Verfahren identifizierten Polypeptide, die an die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen binden, sind auch Gegenstand der Erfindung.

- 25 Ebenso können die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen in einem Phage Display Verfahren verwendet werden.

- Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Pankreastumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

- 30 Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Pankreastumor verwendet werden können.

- 35 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Pankreastumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Pankreastumor.

- 40 Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 158-596, 618-659 enthalten.

- Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

- 45 Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID No 1-157, 597-617 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der
5 Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone
10 können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

5	Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
	ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
10	Contig =	eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)
	Singleton=	ein Contig, der nur eine Sequenz enthält
15	Modul =	Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
20	N =	wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
	X =	wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

Erklärung zu den Alignmentparametern

	minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
	maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
30	maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %

Erklärung der Abbildungen

35	Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
	Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
40	Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
	Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
45	Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
	Fig. 4b	zeigt den elektronischen Northern
50	Fig. 5	zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

30 Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Pankreasgewebs ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

35

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

40

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

50

B ispl 12**Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster**

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 17 gefunden, die 13,3 .x stärker im normalen Pankreastumorgewebe als im normalem Pankreasgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0010	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
35	Zervix	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
40	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
50	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
60	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
65	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0021	4.0945	0.2442
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0256	1.2204	0.8194
	Brust	0.0371	0.0282	1.3157	0.7601
	Duennndarm	0.0368	0.0662	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0240	0.0494	0.4847	2.0630
	Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0476	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0345	0.0694	0.4970	2.0121
	Gehirn	0.0333	0.0308	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0388	0.1136	0.3411	2.9315
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0285	0.0065	4.4118	0.2267
15	Herz	0.0413	0.0137	3.0068	0.3326
	Hoden	0.0288	0.0234	1.2299	0.8130
	Lunge	0.0249	0.0286	0.8709	1.1482
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0307	0.9454	1.0578
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0120	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0217	0.0479	0.4532	2.2067
	Pankreas	0.0132	0.0552	0.2393	4.1785
	Penis	0.0479	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0196	0.0192	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0473	0.0528	0.8962	1.1158
25	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0611	0.7482	1.3366
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0448			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0434			
	Zervix	0.0532			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.1809			
	Gastrointestinal	0.0361			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0433			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0640			
	Lunge	0.0361			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0371			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0377			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0128			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0356			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0410			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0179	0.0056	3.1758	0.3149
	Duenndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0182	0.1645	6.0803
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0050	3.0566	0.3272
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0120	0.0379	0.3176	3.1487
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0061	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0087	0.0021	4.0945	0.2442
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0291			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer North m für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0090	0.0207	0.4331	2.3091
	Duennndarm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0963	0.1867	5.3565
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0881	0.0694	1.2701	0.7873
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0453	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0123	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0077	5.0421	0.1983
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0087	0.0511	0.1706	5.8615
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0288			
	Prostata-Hyperplasie	0.0416			
	Samenblase	0.1157			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0250			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0153	1.7797	0.5619
	Brust	0.0077	0.0169	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0156	0.3838	2.6058
	Endokrines_Gewebe	0.0255	0.0376	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0211	0.0046	4.5559	0.2195
	Gehirn	0.0111	0.0246	0.4500	2.2223
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0129	1.1029	0.9067
15	Herz	0.0223	0.0137	1.6190	0.6176
	Hoden	0.0058	0.0351	0.1640	6.0979
	Lunge	0.0187	0.0225	0.8313	1.2029
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0153	1.8908	0.5289
20	Muskel-Skelett	0.0257	0.0180	1.4278	0.7004
	Niere	0.0081	0.0205	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0050	0.0331	0.1496	6.6857
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0305	0.0170	1.7913	0.5582
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0204	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0268			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0499			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0304			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0110			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0064	0.0094	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0041	0.1800	5.5559
	Haematopoetisch	0.0027	0.0758	0.0353	28.3379
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0102	0.3048	3.2806
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

EI ktronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0056	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0090	0.0104	0.8634	1.1582
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0304			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0077	2.0339	0.4917
	Brust	0.0090	0.0056	1.5879	0.6298
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0125	0.2717	3.6805
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0052	0.0092	0.5600	1.7858
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0113	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0022	0.0041	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0388	0.1225	8.1599
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0123	0.4234	2.3620
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0163	0.0137	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0090			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538	0.2895
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0044	0.0031	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0041	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0044	0.0113	0.3927	2.5464
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0059	0.0041	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0077	1.5254	0.6555
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0050	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0051	0.5760	1.7362
	Haematopoetisch	0.0053	0.0379	0.1412	7.0845
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0150	0.0052	2.8781	0.3474
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0037	0.0041	0.8999	1.1112
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0031	0.0061	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0499			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0090			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0010	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
40	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
45	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
60	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
65	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0051	3.0509	0.3278
	Brust	0.0077	0.0056	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0230	0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0476			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

El ktronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0037	0.0031	1.1999	0.8334
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0061	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0208			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0102	0.0056	1.8147	0.5510
	Duendarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0194	0.4902	2.0400
15	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0094	0.2722	3.6736
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0231	0.4970	2.0121
	Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0275	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0020	3.5562	0.2812
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0341	0.6398	1.5631
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust 0.0128	0.0150	0.8507	1.1756
	Duennndarm 0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0359	0.0182	1.9736	0.5067
	Endokrines_Gewebe 0.0273	0.0226	1.2076	0.8281
10	Gastrointestinal 0.0153	0.0185	0.8283	1.2072
	Gehirn 0.0133	0.0144	0.9257	1.0803
	Haematopoetisch 0.0201	0.0379	0.5293	1.8892
	Haut 0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
15	Herz 0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0166	0.0123	1.3548	0.7381
	Magen-Speiserohre 0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett 0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere 0.0217	0.0137	1.5861	0.6305
	Pankreas 0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0153	0.0106	1.4331	0.6978
	Uterus_Endometrium 0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0408	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein 0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0178			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0087			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0139			
	Gastrointestinal 0.0111			
	Gehirn 0.0188			
40	Haematopoetisch 0.0079			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0107			
	Lunge 0.0145			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0247			
	Placenta 0.0182			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0101			
	Endokrines_Gewebe 0.0245			
	Foetal 0.0186			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0486			
	Hoden 0.0386			
	Lunge 0.0328			
	Nerven 0.0151			
65	Prostata 0.0068			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0333			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0153	0.5085	1.9666
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0051	0.5760	1.7362
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0033	0.0387	0.0855	11.6999
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0291			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0257	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere 0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas 0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
30	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0056			
40	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0036			
45	Lunge 0.0000			
	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
55	Brust 0.0000			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0490			
	Foetal 0.0012			
60	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0057			
	Haut-Muskel 0.0065			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
65	Nerven 0.0070			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0077			
	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0102	0.0244	0.4188	2.3879
	Duennndarm	0.0153	0.0165	0.9268	1.0789
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0231	0.4970	2.0121
	Gehirn	0.0081	0.0175	0.4659	2.1466
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0190	0.0647	0.2941	3.4000
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0143	0.3629	2.7557
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0537	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0217	0.0548	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0278			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
65	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0052	0.0062	0.8400	1.1905
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0106	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0037	0.0154	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0064	0.0137	0.4626	2.1618
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0123	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0387	0.0427	23.3998
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N		
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278		
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef		
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000		
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Gehirn	0.0030	0.0031	0.9599	1.0417		
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000		
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef		
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000		
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051		
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef		
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef		
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef		
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef		
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009					
	Zervix	0.0000					
		FOETUS					
35	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0039					
40	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0036					
	Nebenniere	0.0000					
45	Niere	0.0062					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0499					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0120	0.0026	4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0103	0.0062	1.6799	0.5953
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0090			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0025	4.0755	0.2454
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0030	0.0041	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0275	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0059	0.0010	5.7597	0.1736
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0285			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0115	0.0075	1.5312	0.6531
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0067	0.0051	1.2959	0.7716
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0192	1.1374	0.8792
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0612			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0111	0.0031	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0533	0.0562	17.8070
	Prostata	0.0109	0.0149	0.7312	1.3677
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
35	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
65	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
70	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
75	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
80	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0026	0.0113	0.2268	4.4083
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0075	1.8113	0.5521
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0059	0.0092	0.6400	1.5626
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0135	0.0061	2.2015	0.4542
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0033	0.0221	0.1496	6.6857
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0128	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0234	0.0026	9.1527	0.1093
	Brust 0.0077	0.0094	0.8166	1.2245
	Duenndarm 0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal 0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn 0.0015	0.0021	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz 0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett 0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere 0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
	Pankreas 0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis 0.0150	0.0800	0.1872	5.3421
	Prostata 0.0109	0.0085	1.2795	0.7815
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0078			
	Zervix 0.0213			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0056			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0108			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0408			
55	Eierstock_n 0.1595			
	Eierstock_t 0.0101			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0029			
	Gastrointestinal 0.0122			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0130			
	Hoden 0.0154			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0000			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0056	0.9074	1.1021
	Duenn darm	0.0092	0.0331	0.2781	3.5964
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0052	0.0082	0.6300	1.5874
	Haematopoetisch	0.0107	0.0379	0.2823	3.5422
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0412	0.0514	19.4559
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0083	0.0020	4.0643	0.2460
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0153	0.0085	1.7913	0.5582
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0340			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0456			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0410			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0044	0.0062	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0131			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	0.0000	undef	0.0000	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	0.0000	undef	0.0000	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	0.0000	undef	0.0000	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	0.0000	undef	0.0000	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0042					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0130	0.2303	4.3431
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0062	0.8400	1.1905
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0021	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0259	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
				%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0078	0.0153	0.5085	1.9666
	Brust	0.0051	0.0132	0.3889	2.5715
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0030	0.0041	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0138	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0031	0.0102	0.3048	3.2806
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0156			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
55	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
60	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
65	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0230	1.6949	0.5900
	Brust	0.0064	0.0056	1.1342	0.8817
	Duenn darm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0007	0.0041	0.1800	5.5559
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0275	0.0385	25.9412
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0449	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0608	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0610	0.0408	1.4964	0.6683
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

El ktronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0051	0.0075	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0052	2.8781	0.3474
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0201	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0096	0.0051	1.8719	0.5342
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0000	0.0275	0.0000	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0583	0.0662	0.8805	1.1357
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0498	0.0139	3.5895	0.2786
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0323	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
60	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
65	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0077	0.0019	4.0832	0.2449
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0037	0.0051	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0106	0.2047	4.8846
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0250			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0340			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0110			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0082	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013	0.0379	0.0353	28.3379
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0179	0.2179	4.5888
	Brust	0.0102	0.0056	1.8147	0.5510
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0037	0.0164	0.2250	4.4447
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0042	0.0082	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952	10.5060
20	Niere	0.0109	0.0205	0.5287	1.8915
	Pankreas	0.0017	0.0442	0.0374	26.7427
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0131	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duenndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0150	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0096	0.0092	1.0399	0.9616
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0137	0.3855	2.5941
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0021	0.0082	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0064	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0331	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0051	3.0509	0.3278
	Brust	0.0128	0.0075	1.7013	0.5878
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0286	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0043	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0068	6.7336	0.1485
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0534			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0125	0.2717	3.6805
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0051	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0972			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0410			
	Nerven	0.0131			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer North rn für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0030	0.0031	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898		
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef		
	Endokrines Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907		
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779		
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef		
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000		
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000		
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef		
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673		
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef		
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000		
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000		
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef		
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000		
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0242					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50							
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
60	Endokrines Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0017					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0057					
	Haut-Muskel	0.0000					
65	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0020					
	Prostata	0.0068					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0103	0.2160	4.6299
	Haematopoetisch	0.0027	0.0758	0.0353	28.3379
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0061	2.0321	0.4921
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0000			
35					
40					
45					
50					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0810			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0156	0.1919	5.2117
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0113	0.5236	1.9098
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0052	0.0061	0.8467	1.1810
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0131	0.0064	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0075	0.1701	5.8778
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0074	0.0137	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711	1.7510
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0090			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer North m für SEQ. ID. NO: 74

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0051	4.5763	0.2185
	Brust	0.0115	0.0113	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0078	2.6863	0.3723
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0100	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0089	0.0123	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0062	0.0082	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0271	0.0205	1.3217	0.7566
25	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0128	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0156			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
45	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
65	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
70	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0080			
75	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0708			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 75

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0026	4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0249			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 77

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0281	0.0226	1.2476	0.8015
	Duenn darm	0.0307	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0278	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0037	0.0072	0.5143	1.9446
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0061	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9518	1.0506
	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0476			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0157			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
65	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0429	0.0165	2.5952	0.3853
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0556	0.0185	3.0027	0.3330
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer North m für SEQ. ID. NO: 81

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0064	0.0075	0.8507	1.1756
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0068	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0214	0.0092	2.3199	0.4311
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0085	0.0412	0.2056	4.8640
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0082	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0383	0.7563	1.3222
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0276	0.0598	16.7142
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0250			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0134			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0518			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0141			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0067	0.0051	1.2959	0.7716
	Haematopoetisch	0.0107	0.0379	0.2823	3.5422
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0073	0.0082	0.8891	1.1248
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0106			
40		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
60		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0051			
65	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0026	0.0056	0.4537	2.2042
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0089	0.0092	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0137	0.3855	2.5941
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0153	0.0132	1.1666	0.8572
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0208	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0100	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0067	0.0123	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0102	0.9145	1.0935
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4759	2.1012
	Niere	0.0027	0.0411	0.0661	15.1317
	Pankreas	0.0000	0.0331	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0149	0.4387	2.2795
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0140			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0025	5.4340	0.1840
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0022	0.0082	0.2700	3.7039
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0230	0.4202	2.3799
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0106	0.2047	4.8846
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 87

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0179	1.0896	0.9178
	Brust	0.0166	0.0019	8.8469	0.1130
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0104	0.2878	3.4745
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0100	0.3396	2.9444
	Gastrointestinal	0.0115	0.0231	0.4970	2.0121
	Gehirn	0.0118	0.0092	1.2799	0.7813
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
20	Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0180	0.7615	1.3133
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0128	0.8530	1.1723
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
45	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0371			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0251			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0244			
70	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronisch r Northern für SEQ. ID. NO: 88

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
	Brust	0.0064	0.0113	0.5671	1.7633
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0150	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0170	0.0113	1.5054	0.6643
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0083	0.0143	0.5806	1.7223
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0153	1.8908	0.5289
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0033	0.0331	0.0997	10.0285
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0175			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0120			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0387			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0429	0.0767	0.5593	1.7879
	Brust 0.0652	0.0320	2.0416	0.4898
	Duenn darm 0.0061	0.0331	0.1854	5.3946
	Eierstock 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe 0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal 0.0153	0.0370	0.4142	2.4145
	Gehirn 0.0126	0.1294	0.0971	10.2947
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz 0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge 0.0073	0.0123	0.5927	1.6872
	Magen-Speiserohre 0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett 0.0120	0.0360	0.3331	3.0017
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0033	0.0607	0.0544	18.3856
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0044	0.0085	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0128			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0278			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0063			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0213			
	Lunge 0.0000			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0062			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0272			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.1224			
	Foetal 0.0093			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0131			
65	Prostata 0.0137			
	Sinnesorgane 0.0155			
	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0102	0.0132	0.7777	1.2858
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0100	1.6981	0.5889
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0041	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0476	0.1359	0.3501	2.8560
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0062	0.0041	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0479	0.0490	0.9791	1.0213
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0146			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 93

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0544			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0192			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust 0.0090	0.0150	0.5955	1.6794
	Duennndarm 0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0078	0.3838	2.6058
	Endokrines_Gewebe 0.0136	0.0025	5.4340	0.1840
10	Gastrointestinal 0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn 0.0163	0.0082	1.9799	0.5051
	Haematopoetisch 0.0094	0.0379	0.2470	4.0483
	Haut 0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz 0.0159	0.0137	1.1565	0.8647
	Hoden 0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0135	0.0102	1.3209	0.7571
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0060	0.8567	1.1673
20	Niere 0.0163	0.0068	2.3791	0.4203
	Pankreas 0.0033	0.0442	0.0748	13.3713
	Penis 0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0087	0.0021	4.0945	0.2442
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0096			
	Prostata-Hyperplasie 0.0119			
	Samenblase 0.0356			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0095			
	Zervix 0.0213			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0028			
	Gehirn 0.0188			
40	Haematopoetisch 0.0039			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0145			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0124			
	Placenta 0.0182			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0068			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0101			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0023			
	Gastrointestinal 0.0244			
60	Haematopoetisch 0.0057			
	Haut-Muskel 0.0162			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0410			
	Nerven 0.0161			
65	Prostata 0.0205			
	Sinnesorgane 0.0077			
	Uterus_n 0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 96

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
	Brust	0.0115	0.0038	3.0624	0.3265
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0046	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0074	0.0133	0.5538	1.8057
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.2542	0.1011	9.8931
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0082	0.8891	1.1248
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.7538			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 98

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.1410	0.0165	8.5270	0.1173
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.1820	0.0093	19.6731	0.0508
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0145	0.0041	3.5562	0.2812
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0718	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0340			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0128	0.9153	1.0926
	Brust	0.0026	0.0132	0.1944	5.1431
	Duennndarm	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0130	0.9210	1.0858
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0226	0.3774	2.6500
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0093	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0133	0.0113	1.1781	0.8488
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0233	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0117	1.9679	0.5082
	Lunge	0.0156	0.0184	0.8467	1.1810
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0240	0.7853	1.2735
20	Niere	0.0217	0.0274	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0033	0.0442	0.0748	13.3713
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0109	0.0213	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0954	0.2669	3.7471
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn 0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge 0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere 0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas 0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0139			
	Gastrointestinal 0.0056			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0260			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0126			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0051			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0006			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0000			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 102

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0013	0.0094	0.1361	7.3472
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0044	0.0062	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0412	0.1285	7.7824
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0085	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0204	0.7482	1.3366
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 104

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0195	0.0102	1.9068	0.5244
	Brust 0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duennndarm 0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe 0.0119	0.0075	1.5849	0.6309
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0185	0.0000	undef
	Gehirn 0.0185	0.0072	2.5713	0.3889
	Haematopoetisch 0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut 0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz 0.0127	0.0137	0.9252	1.0809
	Hoden 0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0031	0.0102	0.3048	3.2806
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0180	0.0000	undef
20	Niere 0.0027	0.0274	0.0991	10.0878
	Pankreas 0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis 0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0096			
	Prostata-Hyperplasie 0.0089			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0104			
	Zervix 0.0106			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0139			
	Gastrointestinal 0.0111			
	Gehirn 0.0063			
40	Haematopoetisch 0.0039			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0107			
	Lunge 0.0108			
45	Nebenniere 0.0507			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0121			
	Prostata 0.0249			
	Sinnesorgane 0.0000			
50				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0068			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0035			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0057			
	Haut-Muskel 0.0194			
	Hoden 0.0231			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0161			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0464			
	Uterus_n 0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 105

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0056	0.4537	2.2042
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0104	0.2878	3.4745
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0081	0.0031	2.6399	0.3788
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0847	0.0866	11.5419
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0123	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0081	0.0205	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0456			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 106

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0399			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 107

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0031	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0213	0.3071	3.2564
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 108

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0187	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0022	0.0103	0.2160	4.6299
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0163	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0106	0.2047	4.8846
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 109

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0090	0.0075	1.1909	0.8397
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0044	0.0113	0.3927	2.5464
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0083	0.0020	4.0643	0.2460
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0109	0.0205	0.5287	1.8915
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0085	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0408			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 110

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0051	0.0132	0.3889	2.5715
	Duendarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0104	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0089	0.0133	0.6646	1.5047
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0138	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0117	1.9679	0.5082
	Lunge	0.0145	0.0041	3.5562	0.2812
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0230	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0319			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0313			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0748			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
65	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 112

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0089			
30	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0039			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
45	Nebenniere 0.0254			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0012			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0010			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0000			

El ktronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0052	0.0051	1.0079	0.9921
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0276	0.0598	16.7142
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer North m für SEQ. ID. NO: 114

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust 0.0013	0.0056	0.2268	4.4083
	Duennndarm 0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock 0.0090	0.0078	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe 0.0085	0.0201	0.4245	2.3555
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn 0.0244	0.0092	2.6399	0.3788
	Haematopoetisch 0.0013	0.0379	0.0353	28.3379
	Haut 0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0042	0.0137	0.3084	3.2426
	Hoden 0.0403	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere 0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas 0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis 0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0087	0.0085	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0064			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0052			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0139			
	Gehirn 0.0125			
40	Haematopoetisch 0.0039			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0036			
	Lunge 0.0108			
45	Nebenniere 0.0254			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0753			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0245			
	Foetal 0.0122			
	Gastrointestinal 0.0488			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0194			
	Hoden 0.0386			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0221			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 115

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0077	0.0038	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0120	0.0208	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0139	0.9664	1.0348
	Gehirn	0.0059	0.0113	0.5236	1.9098
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0117	0.0275	0.4240	2.3583
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0104	0.0143	0.7258	1.3779
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0174	0.0043	4.0945	0.2442
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0251			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 116

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust 0.0064	0.0038	1.7013	0.5878
	Duenn darm 0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe 0.0068	0.0075	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0030	0.0062	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere 0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas 0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0056			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0260			
	Herz-Blutgefuesse 0.0036			
	Lunge 0.0036			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0062			
	Placenta 0.0121			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0099			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0065			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0070			
65	Prostata 0.0068			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 117

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0038	0.0169	0.2268	4.4083
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0022	0.0051	0.4320	2.3149
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 118

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
	Brust	0.0051	0.0094	0.5444	1.8368
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines Gewebe	0.0068	0.0050	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0031	1.6799	0.5953
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0138	0.0137	1.0023	0.9977
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0123	0.3387	2.9526
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.1908	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 119

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0021	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0533	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0163			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0205	0.0075	2.7221	0.3674
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0125	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0106	0.0137	0.7710	1.2971
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0073	0.0082	0.8891	1.1248
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0360	0.3331	3.0017
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0017	0.0276	0.0598	16.7142
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0952			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
65	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
70	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0010			
75	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
80	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 124

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust 0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duenndarm 0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0120	0.0052	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe 0.0068	0.0100	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal 0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn 0.0052	0.0031	1.6799	0.5953
	Haematopoetisch 0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0032	0.0137	0.2313	4.3235
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge 0.0062	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0153	0.0085	1.7913	0.5582
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0089			
30	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0113			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0083			
	Gehirn 0.0063			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0036			
	Lunge 0.0036			
45	Nebenniere 0.0254			
	Niere 0.0309			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0203			
	Endokrines_Gewebe 0.0490			
	Foetal 0.0017			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0057			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0040			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 125

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0030	0.0010	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0205	0.1322	7.5658
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0106	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 126

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0031	0.0496	0.0618	16.1839
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0059	0.0113	0.5236	1.9098
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
20	Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 127

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0304			
65	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0114			
70	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
75	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
80	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 128

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0276	0.0598	16.7142
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 129

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0000			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 130

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust 0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duenn darm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn 0.0030	0.0021	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge 0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0063			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0006			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0000			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 131

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 132

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 133

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 134

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 135

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 136

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0115	0.0094	1.2250	0.8164
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0090	0.0052	1.7269	0.5791
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0113	0.3273	3.0557
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0148	0.0275	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0135	0.0041	3.3022	0.3028
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0240	0.2142	4.6693
	Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0269	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0128	0.1706	5.8615
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 137

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0012			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0000			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 138

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 139

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 140

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 142

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0010	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 143

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 144

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 145

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0153	0.5085	1.9666
	Brust	0.0090	0.0038	2.3818	0.4198
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0301	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0139	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0214	0.0288	0.7457	1.3411
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0156	0.0123	1.2701	0.7873
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0196	0.0106	1.8425	0.5427
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0340	0.2245	4.4553
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0438			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0499			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronisch r Northern für SEQ. ID. NO: 146

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0090	0.0075	1.1909	0.8397
	Duennndarm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0060	0.0182	0.3289	3.0402
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0176	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0046	2.4850	0.4024
	Gehirn	0.0074	0.0041	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0074	0.0137	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0087	0.0128	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0204			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 147

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0102	1.5254	0.6555
	Brust	0.0153	0.0188	0.8166	1.2245
	Duennndarm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538	0.2895
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0093	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0096	0.0164	0.5850	1.7095
	Haematopoetisch	0.0187	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0117	0.0137	0.8481	1.1791
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0125	0.0102	1.2193	0.8202
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0460	0.2101	4.7599
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0234			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0250			
	Gehirn	0.0313			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.2513			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0090			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 148

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0082	0.1800	5.5559
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0104	0.0102	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0411	0.1322	7.5658
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 149

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0507	0.0256	1.9831	0.5043
	Brust	0.0281	0.0263	1.0694	0.9351
	Duenn darm	0.0368	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0300	0.0104	2.8781	0.3474
	Endokrines Gewebe	0.0153	0.0100	1.5283	0.6543
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0278	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0192	0.0359	0.5348	1.8698
	Haematopoetisch	0.0321	0.0379	0.8469	1.1807
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0350	0.0962	0.3635	2.7513
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0291	0.0245	1.1854	0.8436
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0690	0.5602	1.7850
	Muskel-Skelett	0.0343	0.0600	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
	Pankreas	0.0050	0.0994	0.0499	20.0570
	Penis	0.0269	0.0800	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0174	0.0149	1.1699	0.8548
	Uterus Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0068	6.7336	0.1485
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0468			
	Zervix	0.0319			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0333			
	Gehirn	0.0375			
40	Haematopoetisch	0.0236			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0397			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0727			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0476			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0120			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0375			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 151

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0546		0.0281		1.9415	0.5151
	Brust	0.0550		0.0263		2.0902	0.4784
	Duenndarm	0.0368		0.0331		1.1122	0.8991
	Eierstock	0.0329		0.0338		0.9741	1.0265
	Endokrines_Gewebe	0.0085		0.0050		1.6981	0.5889
10	Gastrointestinal	0.0536		0.0139		3.8656	0.2587
	Gehirn	0.0222		0.0308		0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0147		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0808		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048		0.0129		0.3676	2.7200
15	Herz	0.0286		0.0275		1.0408	0.9608
	Hoden	0.0288		0.0351		0.8200	1.2196
	Lunge	0.0395		0.0164		2.4132	0.4144
	Magen-Speiserohre	0.0870		0.0077		11.3448	0.0881
	Muskel-Skelett	0.0531		0.0420		1.2646	0.7908
20	Niere	0.0244		0.0548		0.4461	2.2417
	Pankreas	0.0033		0.0221		0.1496	6.6857
	Penis	0.0569		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0283		0.0255		1.1089	0.9018
	Uterus_Endometrium	0.0338		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305		0.0272		1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0764		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0799					
	Prostata-Hyperplasie	0.0327					
	Samenblase	0.0445					
30	Sinnesorgane	0.0235					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139					
	Zervix	0.0958					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0194					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0107					
	Lunge	0.0108					
45	Nebenniere	0.0254					
	Niere	0.0062					
	Placenta	0.0242					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0136					
	Eierstock_n	0.3190					
	Eierstock_t	0.0051					
55	Endokrines_Gewebe	0.0245					
	Foetal	0.0111					
	Gastrointestinal	0.0244					
	Haematopoetisch	0.0057					
	Haut-Muskel	0.0032					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0328					
	Nerven	0.0030					
	Prostata	0.0479					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0208					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 153

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0690	0.2825	3.5400
	Brust	0.0179	0.0320	0.5604	1.7843
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0130	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491	1.1778
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0081	0.0442	0.1842	5.4296
	Haematopoetisch	0.0187	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0238	0.0194	1.2255	0.8160
15	Herz	0.0625	0.1649	0.3791	2.6381
	Hoden	0.0403	0.0117	3.4438	0.2904
	Lunge	0.0343	0.0286	1.1975	0.8351
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0668	0.1200	0.5568	1.7959
20	Niere	0.0190	0.0342	0.5551	1.8014
	Pankreas	0.0050	0.1160	0.0427	23.3998
	Penis	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0170	0.7677	1.3026
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0204	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0588			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0319			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0325			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0494			
	Placenta	0.0909			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0340			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
55	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0309			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 154

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0230	0.6780	1.4750
	Brust	0.0256	0.0263	0.9722	1.0286
	Duennndarm	0.0184	0.0331	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0150	0.0208	0.7195	1.3898
	Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0176	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0268	0.0185	1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0126	0.0205	0.6120	1.6341
	Haematopoetisch	0.0174	0.0379	0.4587	2.1798
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0288	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0156	0.0123	1.2701	0.7873
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0163	0.0137	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0000	0.0497	0.0000	undef
	Penis	0.0180	0.0267	0.6739	1.4839
	Prostata	0.0196	0.0277	0.7087	1.4111
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0509	0.0954	0.5337	1.8736
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0319			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1772			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 155

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0075	0.2264	4.4166
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0051	0.2880	3.4724
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 156

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0102	1.9068	0.5244
	Brust	0.0038	0.0113	0.3403	2.9389
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0208	0.2878	3.4745
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0096	0.0051	1.8719	0.5342
	Haematopoetisch	0.0053	0.0758	0.0706	14.1689
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0104	0.0123	0.8467	1.1810
	Magen-Speiseroehre	0.0580	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0180	0.3807	2.6265
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0087	0.0085	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0156			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0488			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0291			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 157

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0077	0.0132	0.5833	1.7144
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0156	0.5756	1.7372
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0103	0.0164	0.6300	1.5874
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0148	0.0137	1.0794	0.9265
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
20	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0033	0.0497	0.0665	15.0427
	Penis	0.0060	0.0800	0.0749	13.3552
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
65	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
70	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0030			
75	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 597

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0009	0.0042	0.2087	4.7908
	Dickdarm	0.0000	0.0057	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0019	0.0018	1.0524	0.9502
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	T_Lymphom	0.0000	0.0075	0.0000	undef
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0136			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 598

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0097	0.0155	0.6262	1.5969
	Dickdarm	0.0134	0.0114	1.1774	0.8493
	Duenn darm	0.0082	0.0107	0.7730	1.2937
10	Eierstock	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0053	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0046	0.0040	1.1605	0.8617
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0041	0.0275	0.1477	6.7715
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0068	0.0037	1.8417	0.5430
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0037	1.3917	0.7186
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Prostata	0.0273	0.0300	0.9123	1.0962
	T_Lymphom	0.0076	0.0224	0.3381	2.9576
	Uterus	0.0059	0.0092	0.6426	1.5563
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0067			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0354			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
60	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0180			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 599

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0164	0.4741	2.1091
	Brust	0.0009	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0237	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0035	1.8107	0.5523
	Gehirn	0.0029	0.0050	0.5803	1.7234
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0030	0.0137	0.2215	4.5144
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0126	0.0018	6.8408	0.1462
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0256	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Pankreas	0.0033	0.0331	0.0997	10.0282
	Prostata	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0074	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0161			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0204			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0209			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0225			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 600

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0100	0.0136	0.7358	1.3590
	Blase	0.0039	0.0117	0.3319	3.0130
	Brust	0.0044	0.0014	3.1311	0.3194
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0137	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0024	2.4887	0.4018
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0140	0.3730	2.6808
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0061	0.0137	0.4430	2.2572
	Hoden	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0049	0.0111	0.4385	2.2804
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0037	2.7833	0.3593
20	Niere	0.0067	0.0048	1.3927	0.7180
	Pankreas	0.0017	0.0387	0.0427	23.3992
	Prostata	0.0019	0.0013	1.4470	0.6911
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0059	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0067			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
40	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0070			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 601

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0009	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0027	0.0107	0.2577	3.8812
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0020	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0037	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 602

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Blase	0.0234	0.0047	4.9788	0.2009
	Brust	0.0070	0.0098	0.7157	1.3973
	Dickdarm	0.0057	0.0085	0.6728	1.4864
	Duenn darm	0.0110	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0038	0.8479	1.1794
	Gehirn	0.0018	0.0020	0.9068	1.1028
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0190	0.2441	4.0960
15	Herz	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0068	0.0018	3.6834	0.2715
	Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0064	1.1333	0.8824
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0067	0.0096	0.6963	1.4362
	Pankreas	0.0033	0.0221	0.1496	6.6857
	Prostata	0.0094	0.0052	1.8088	0.5529
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0093	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0134			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0408			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0046			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
60	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 603

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0141	0.0028	5.0097	0.1996
	Dickdarm	0.2491	0.0199	12.4946	0.0800
	Duenn darm	0.1949	0.5326	0.3659	2.7333
10	Eierstock	0.0059	0.0072	0.8296	1.2055
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0035	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0381	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0204	0.0055	3.6835	0.2715
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0022	0.0096	0.2321	4.3081
	Pankreas	0.0017	0.1105	0.0150	66.8548
	Prostata	0.0047	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0059	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0340			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0610			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 604

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0136	0.1840	5.4361
	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0079	0.0028	2.8179	0.3549
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0048	0.6222	1.6073
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0053	0.6036	1.6568
	Gehirn	0.0058	0.0050	1.1605	0.8617
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0020	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0029	0.0055	0.5262	1.9004
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0282
	Prostata	0.0057	0.0078	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0059	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0340			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0257			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0121			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 605

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0400	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0329	0.2371	4.2182
	Brust	0.0141	0.0197	0.7157	1.3973
	Dickdarm	0.0345	0.0171	2.0184	0.4955
	Duenndarm	0.0384	0.0320	1.2024	0.8317
10	Eierstock	0.0089	0.0215	0.4148	2.4109
	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0319	0.8551	1.1695
	Gehirn	0.0312	0.0299	1.0445	0.9574
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0139	0.0317	0.4395	2.2755
15	Herz	0.0203	0.0275	0.7384	1.3543
	Hoden	0.0361	0.0710	0.5089	1.9650
	Lunge	0.0126	0.0351	0.3600	2.7775
	Magen-Speiserohre	0.0217	0.0384	0.5668	1.7644
	Muskel-Skelett	0.0428	0.0185	2.3194	0.4311
20	Niere	0.0179	0.0193	0.9285	1.0770
	Pankreas	0.0066	0.0387	0.1709	5.8498
	Prostata	0.0160	0.0182	0.8786	1.1382
	T_Lymphom	0.0278	0.0149	1.8596	0.5377
	Uterus	0.0177	0.0046	3.8554	0.2594
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0192	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0267			
	Penis	0.0161			
	Samenblase	0.0141			
	Sinnesorgane	0.0235			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0194			
35	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0354			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0640			
40	Lunge	0.0289			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0272			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1469			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0249			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0281			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0833			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0465			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 606

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0195	0.0070	2.7658	0.3616
	Brust	0.0132	0.0084	1.5655	0.6388
	Dickdarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0053	0.0000	undef
	Gehirn	0.0046	0.0040	1.1605	0.8617
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0304	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0068	0.0018	3.6835	0.2715
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0037	2.7833	0.3593
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000	undef
	Prostata	0.0132	0.0078	1.6882	0.5923
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0222	0.0046	4.8192	0.2075
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0295			
	Samenblase	0.0493			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
40	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

El ktronischer Northern fuer Seq-ID: 607

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0014	0.0000	undef
	Dickdarm	0.0038	0.0057	0.6728	1.4864
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0038	0.8479	1.1794
	Gehirn	0.0054	0.0060	0.9068	1.1028
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
15	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0039	0.0055	0.7016	1.4253
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639	2.1557
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0286
	Prostata	0.0038	0.0013	2.8940	0.3455
	T_Lymphom	0.0000	0.0075	0.0000	undef
	Uterus	0.0015	0.0138	0.1123	8.9083
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
60	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0070			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 608

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0047	0.0000	undef
	Brust	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0124	0.1293	7.7318
	Gehirn	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0020	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0059	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0019	0.0037	0.5262	1.9004
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0045	0.0048	0.9285	1.0770
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3710
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0235			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0046			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0090			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 609

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0023	3.3190	0.3013
	Brust	0.0035	0.0042	0.8349	1.1977
	Dickdarm	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0137	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0143	0.2074	4.8219
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0160	0.4024	2.4852
	Gehirn	0.0041	0.0080	0.5077	1.9696
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0059	1.3571	0.7369
	Lunge	0.0049	0.0055	0.8770	1.1402
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0037	1.8555	0.5389
20	Niere	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0282
	Prostata	0.0104	0.0026	3.9794	0.2513
	T_Lymphom	0.0051	0.0075	0.6762	1.4788
	Uterus	0.0044	0.0046	0.9638	1.0375
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 610

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0042	0.6262	1.5969
	Dickdarm	0.0019	0.0028	0.6728	1.4864
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0161	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0018	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0286
	Prostata	0.0000	0.0013	0.0000	undef
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0046	0.3368	2.9694
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 611

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Dickdarm	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0018	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0010	0.0275	0.0369	27.0862
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639	2.1557
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0282
	Prostata	0.0000	0.0039	0.0000	undef
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0067			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0612			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0209			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 612

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0117	0.6638	1.5064
	Brust	0.0114	0.0169	0.6784	1.4741
	Dickdarm	0.0115	0.0085	1.3456	0.7432
	Duenndarm	0.0110	0.0107	1.0306	0.9703
10	Eierstock	0.0059	0.0072	0.8295	1.2055
	Endokrines_Gewebe	0.0144	0.0038	3.8156	0.2621
	Gehirn	0.0193	0.0110	1.7586	0.5686
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000	undef
15	Herz	0.0173	0.0137	1.2552	0.7967
	Hoden	0.0080	0.0059	1.3570	0.7369
	Lunge	0.0165	0.0111	1.4909	0.6707
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0037	1.3917	0.7186
20	Niere	0.0179	0.0048	3.7136	0.2693
	Pankreas	0.0033	0.0442	0.0748	13.3714
	Prostata	0.0085	0.0039	2.1705	0.4607
	T_Lymphom	0.0101	0.0075	1.3525	0.7394
	Uterus	0.0093	0.0138	0.6735	1.4847
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0096	0.0304	0.3156	3.1685
	Haematopoetisch	0.0094			
	Penis	0.0134			
	Samenblase	0.0352			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
35	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0513			
	Haut-Muskel	0.0194			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0586			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0161			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0182			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 613

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0000	0.0028	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0029	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Prostata	0.0009	0.0013	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 614

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0272	0.1840	5.4361
	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0096	0.0057	1.6820	0.5945
	Duenn darm	0.0082	0.0107	0.7730	1.2937
10	Eierstock	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0177	0.0057	3.1090	0.3216
	Gehirn	0.0030	0.0130	0.2325	4.3010
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0232	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0019	0.0092	0.2105	4.7510
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0166	0.1994	5.0143
	Prostata	0.0094	0.0078	1.2058	0.8293
	T_Lymphom	0.0126	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0107			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
40	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0136			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0257			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0070			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 615

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0009	0.0028	0.3131	3.1939
	Dickdarm	0.0000	0.0057	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0018	0.0010	1.8135	0.5514
	Haut	0.0073	0.0394	0.1862	5.3703
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0059	0.0000	undef
	Lunge	0.0039	0.0037	1.0524	0.9502
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Prostata	0.0019	0.0013	1.4470	0.6911
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
40	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 616

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0094	0.0000	undef
	Brust	0.0070	0.0098	0.7157	1.3973
	Dickdarm	0.0057	0.0114	0.5046	1.9818
	Duenndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0119	0.0024	4.9773	0.2009
	Endokrines_Gewebe	0.0112	0.0071	1.5844	0.6312
	Gehirn	0.0075	0.0070	1.0776	0.9280
	Haut	0.0037	0.0394	0.0931	10.7394
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0039	0.0037	1.0524	0.9502
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0064	2.2671	0.4411
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0276	0.1795	5.5712
	Prostata	0.0094	0.0065	1.4470	0.6911
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0044	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0513			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 617

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0018	0.0028	0.6262	1.5969
	Dickdarm	0.0019	0.0028	0.6728	1.4864
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0072	0.4148	2.4110
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0019	0.8479	1.1794
	Gehirn	0.0036	0.0020	1.8135	0.5514
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
15	Herz	0.0051	0.0137	0.3692	2.7087
	Hoden	0.0000	0.0118	0.0000	undef
	Lunge	0.0019	0.0055	0.3508	2.8506
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0037	0.9278	1.0778
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Prostata	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0046	0.0000	undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Pankreastumorgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Beispiel 4

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview" -Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

B ispiel 5**Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klone)**

- 5 Die die entsprechenden cDNA enthaltenen genomischen BAC-Klone
(<http://www.tree.caltech.edu/>; Shizuya, H., B. Birren, U.-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak,
Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797) wurden mit
der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei dieser Prozedur wird eine Bibliothek
bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom)
10 in ein bestimmtes Raster gebracht, so daß die DNA dieser Klone mit einer
spezifischen PCR untersucht werden kann. Dabei erfolgt ein "Poolen" der DNA
verschiedener BAC-Klone. Durch eine kombinatorische Analyse ist es möglich die
Klone zu bestimmen, die die gesuchte DNA enthalten. Durch das Festlegen der
Klone kann die Adresse der Klone in der Bibliothek bestimmt werden. Diese Adresse
15 zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit
die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest.
Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen
BAC-Klone ohne, diese darauf zu beschränken.
Die verwendete Bibliotheken waren CITB B und CITB C:

20

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs		
22	266/N/19	393/M/5	504/A/18

TABELLE I

Sequenz ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
1	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	AP_endonuclease1	Xp11.22	AFM106xa3 - SHGC-32184
2	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	mm; PRO_RICH		
3	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus chromaffin granule ATPase II		3p14.1-p21.1	SHGC-36252 - AFMb318yf1
4	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		14q32.13-q32.31	D14S178 - D14S292
5	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	HMG-1	PRO_RICH; HMG; NLS_BP		
6	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	NY-CO-41			
7	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH	19p13.3	WI-6480
8	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus GOB-4		7p21.3	AFMb355wg1 - SHGC-17250
9	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu B. taurus epsilon-COP			
10	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Pyrophosphatase	Pyrophosphatase	4q23-q26	D4S1572 - D4S1571
11	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		9q34.2.3	D9S158
12	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu X. laevis dependent RNA helicase	DEAD; helicase_C	5q34-q35.1	D5S498-D5S408
13	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH	8p23.1	D8S277-D8S503
14	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH; NLS_BP	9q34.13-q34.2	D9S1818-D9S158
15	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		10q21.3-q22.1	SHGC-30283
16	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
17	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		15q23	D15S114 - D15S1329
18	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11p11.2-q13.1	D11S1368 - SHGC-31731

Sequenz ID No:	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
19	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		5q34	
20	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		14q31.3-q32.11	AFMa116zf5 - D14S968
21	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	EGF;	11q13.1-q13.4	D11S913 - D11S951E
22	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		1p36.13	SHGC-52575
23	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	lactamase_B	12q24.22- q24.23	AFMa225xe5 - SHGC- 10488
24	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	ESTERASE;	3p21.1-p21.2	SHGC-14816 - WI-7113
25	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
26	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
27	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11q13.1-q13.4	D11S913-D11S1337
28	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
29	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		10q23.1	SHGC-37613 - AFM029XH12
30	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		7q36.2-q36.3	
31	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
32	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		7p22.3-p22.1	D7S2477 - D7S517
33	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
34	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
35	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		12p11.23- p13.11	D12S1629 - D12S1922
36	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
37	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus NIK	PRO_RICH; ROM_MOTIF; CNH		

Sequenz ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
38	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu molybdoferin biosynthesis MOEB protein	ThiF_family;	3q23	
39	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		22q13.2-q13.32	IB1149 - D22S270
40	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		7q33-q35	WI-9353
41	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11q22.3-q23.2	D11S1347 - D11S908
42	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Fas-ligand associated factor 3	SH3; PRO_RICH		
43	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus SH3P7	cofilin_ADF; SH3	7p12.2-p13	D7S519 - D7S506
44	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu C. elegans FER-1	PRO_RICH; PRO_RICH; C2_DOMAIN_2	10q23.1	D10S583; D10S185
45	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu C. griseus ars2		7q22.1	sWSS3840
46	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu einem man(9)-alpha-mannosidase ähnlichen Protein aus C. elegans		9	SHGC-37250
47	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	JM4		Xp21.1-Xp11.23	SHGC-17255 - SHGC-37390
48	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homolog zu cyclin C (CCNC)	PRO_RICH		
49	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homolog zu VAMP associated protein of 33kDa		20q12-q13.33	
50	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homolog zu Prepromultimerin	PRO_RICH	10q23.1	D10S564 - SHGC-15188
51	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		3p21.31-p21.1	AFM273ve9 - SHGC-30574
52	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homolog zu Fructose-1,6-bisphosphatase		9q22.2	AFM212yb4 - WI-1164
53	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH		
54	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Hlc-5	LIM	16p11.2	SHGC-36123 - SHGC-5949
55	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		1q21.2-q21.3	D1S305-D1S506

Sequenz ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
56	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Polymeric immunoglobulin receptor	ig	1q32.2-q21.3	SHGC-11228; D1S456-D1S2891
57	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu H beta 58		11q23.2-q25	D11S1320 - D11S968
58	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu R. norvegicus TIP49	AAA	3q21.3-q22.1	SHGC-31856
59	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu R. norvegicus ABP-7		2q11.2	
60	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Agrin	laminin_G; EGF		
61	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Triose-phosphate isomerase	TIM	12q24.33	D12S367; WI-5272
63	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus polymerase I-transcript release factor	PRO_RICH	17q11.2-q21.31	D17S800 - D17S791
64	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus AP19	Cla1_adaptor_s	Xp22.33-p22.13	
65	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homolog zu Ras inhibitor			
66	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
67	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu S. pombe POP3	WD40_REGION	16p13.3	WI-7742
68	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH;	8p12	
69	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		10q23.31-q23.32	Z38397
70	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
71	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homolog zu APRIL	TNF; PRO_RICH	17p13.2	SHGC-31356 - SHGC-31370
72	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH	9p24.1-p23	D9S178 - D9S286
73	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		3p21.31-p21.1	SHGC-31529
74	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	SH3 domain binding glutamic acid-rich-like protein		Xp13.1-p22.1	SHGC-34549; DXS983-DXS995
75	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		16p12.3-q12.1	D16S401 - D16S411

Sequenz ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
76	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	KE04p	PRO_RICH	10q23.31-q24.1	SGC32598; D10S198-D10S192
77	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		5q23.3-q31.1	TIGR-A002114; D5S396-D5S2119
78	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
79	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH		
80	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus cell surface antigen 114/A10		3q12.3-q22.3	WI-16550; D3S1267 - D3S1269
81	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu R. norvegicus RNH-1/14-3-3	14-3-3	20q13.12-q13.2	siSG3015; D20S96 - D20S119
82	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		20q12	SHGC-5757; nib2203 - WI-7121
83	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		8q23.1-q24.23	WI-10125; D8S263-D8S284
84	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		9q34.11-q34.12	SGC34869; D9S260 - D9S159
85	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	hD54		20q13.33	SHGC-3176; SHGC-9476 - SHGC-9199
86	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		21q22.12-q22.13	TIGR-A008B34; D21S1254 - D21S1252
87	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu S. pombe TPR	TPR_REGION; TPR_REPEAT		
88	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus seizure-related mRNA	PRO_RICH	15q22.2-q22.31	WI-5241; WI-7454
89	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Human KIP2 gene for Cdk-inhibitor			
90	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	p57KIP2 Homolog			
91	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	sFRP-2	PRO_RICH; FZ_DOMAIN; NETRIN_CT	4q31.3	SHGC-1050; WI-15550 - D4S1046
92	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homolog zu Lung Carbonyl Reductase	adh_short	17	D17S784, n.r. (117 cM)
93	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu C. elegans MSR4 like protein	mito_carr	8p22-p12	siSG8989; D8S298 - D8S505
94	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
95	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	Fork_head	3p14.1	D3S1566; CHLC.GATA52H09

Sequenz ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
96	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	C2	12q13.12-q13.13	WI-7760
98	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		1q32.2	SHGC-11228; SHGC-36215 - SHGC-12033
99	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	F1FO-type ATPase subunit d			
100	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
101	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus SIK similar protein	NLS_BP	16q24.1-q24.2	CHLC.GATA71F09
102	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
103	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Human DNA sequence from clone 506		22q13.1	SHGC-2785; IB342 - SHGC-37043
104	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	MSJ-1	DnaJ	11q13.2-q13.4	AFMa190xd9
105	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PDZ	Xq12.2	CHLC.GGATA64D08; DXS983
106	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	UPF0034		
107	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
108	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Beta-galactosid alpha-2,6-sialyltransferase	Sialyltransf; PRO_RICH	3q26.33-3q28	D3S1602-D3S1580
109	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	NHERF-2	PDZ	16q22.1-q23.1	SHGC-11460
110	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		6p21.31-p21.2	
111	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	high mobility group protein	HMG_box	Xq28	
112	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Multi PDZ domain protein	NLS_BP; PDZ	9p23-p21.3	SHGC-32204; WI-7091 - SHGC-3971
113	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	G-beta	11q12	
114	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	NLS_BP; PRO_RICH	?	SHGC-2325; SHGC-36512
115	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		1p36.11-p36.13	

Sequenz ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
116	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		9q34.11-q34.2	AFM001ve9; AFM122x14 - SHGC-2757
117	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		17q21.31-q22	SGC32559; D17S797- D17S788
118	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH;	3q13.33-q23	WI-9557; D3S1589 - D3S1292
119	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11p12-q13.1	D11S1357-D11S1765
120	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		5q34-q35.1	EST00061; SHGC-11657 - UT5261
123	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		19q13.2-q13.33	WI-11704; D19S219- D19S418
124	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11	
125	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		Xq12.2	
126	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		20q11.21-q12	TIGR-A001Z33; D20S195- D20S107
127	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		10q25.3	CHLC.GATA71C09
128	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	LBP-1a	PRO_RICH;	3p22.3	GATA8A06
129	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		17q21.32-q22	SHGC-31935; NIB1385 - SHGC-30378
130	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
131	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		13	SHGC-6203
132	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		7p13	AFM288vb5; D7S679 - D7S2561
133	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		14q24.2-q24.3	WI-7648; D14S946
134	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		19p13.3	SHGC-1247
135	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		1p34.3	SHGC-6708; D1S432 - D1S2540
136	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH;	5q32-q33.1	

Sequenz ID No:	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
137	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		8q21.11 =pct141	SHGC-53839/AFM172xf10
138	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
139	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11q14.3-q22.2	
140	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt	GLOBIN	Xq22.3-q25	SHGC-32433
142	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		17p13.2-p12	siSG4857; D17S796 - D17S960
143	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		16q12.2-q13	AFMa061yb5
144	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	unbekannt		2p24.1	AFM200ZC11; AFM207vo7 - SHGC-30375
145	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens mRNA for putatively prenylated protein	PRO_RICH;	Xq25-q27.3	WI-6213; WI-5285
146	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	TFG		6p21.2	SHGC-31456; SHGC-10980 - SHGC-16715
147	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	MLN50	LIM_DOMAIN_2; SH3	17q11.2	SHGC-36242; SHGC-3073 - AFMa302yb5
148	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	HLA-F	MHC_I; PRO_RICH	6p21.31	SHGC-4087; SHGC-10115 - SHGC-17229
149	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Adenylate cyclase inhibiting GTP-binding protein	G-alphaarf	12p12.3	SHGC-2112; D12S308 - D12S1832
151	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	AHNAK	PRO_RICH; RICIN_B_LLECTIN	11p11.2-q13.1	SHGC-15940; D11S1368 - SHGC-31731
153	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	hPGI	LRR	Xq28	SHGC-35272
154	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Mac-2 binding protein	PRO_RICH	17	SHGC-11286; SHGC-33563 - AFM163yg1
155	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	BRG1		19p13.2-p13.3	SHGC-9937; D19S221 - D19S226
156	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Gry-rbp	RBD; PRO_RICH; rrm	20p13-p12.3	SHGC-56771; D20S816 - D20S779
157	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	NC2 alpha subunit	HIST_TAF	11q13.1-q13.3	SHGC-1320; D11S951E - SHGC-10519

Sequenz ID No:	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
597	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 7			
598	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 25			
599	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 28			
600	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 32			
601	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 35			
602	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 44			
603	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 56			
604	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 57			
605	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 61			
606	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 63			
607	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 67			
608	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 69			
609	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 72			
610	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 82			
611	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 93			
612	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 94			
613	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 95			
614	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 108			
615	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 111			

Sequenz ID No:	Expression	Funktion		Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker
616	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 113			
617	In Pankreastumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 130			

TABELLE II

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
1	158
	159
	160
2	161
	162
	163
3	164
	165
	166
4	167
	168
	169
5	170
	171
	172
6	173
	174
	175
7	176
	177
	178
8	179
	180
	181
9	182
	183
	184
10	185
	186
	187
11	188
	189
	190
12	191
	192
	193
13	194
	195
	196
14	197
	198
	199
15	200
	201
	202
16	203
	204
	205
17	206
	207

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

DNA-Sequenzen Seq ID No:	208 Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
18	209
	210
	211
19	212
	213
	214
20	215
	216
	217
21	218
	219
	220
22	221
	222
	223
23	224
	225
	226
24	227
	228
	229
25	230
	231
	232
26	233
	234
	235
27	236
	237
	238
28	239
	240
	241
29	242
	243
	244
30	245
	246
	247
31	248
	249
	250
32	251
	252
	253
33	254
	255
	256
34	257
	258
	259

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
35	260
	261
	262
36	263
	264
	265
37	266
	267
	268
38	269
	270
	271
39	272
	273
	274
40	275
	276
	277
	278
41	279
	280
	281
42	282
	283
	284
43	285
	286
	287
44	288
	289
	290
45	291
	292
	293
46	294
	295
	296
47	297
	298
	299
48	300
	301
	302
49	303
	304
	305
50	306
	307
	308
51	309
	310

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

DNA-Sequenz n Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
52	311
	312
	313
	314
53	315
	316
	317
54	318
	319
	320
55	321
	322
	323
56	324
	325
	326
	327
57	328
	329
58	330
	331
	332
59	333
	334
59	335
60	336
	337
	338
61	339
	340
	341
63	345
	346
	347
64	348
	349
	350
65	351
	352
	353
66	354
	355
	356
67	357
	358
	359
68	360
	361
	362
69	363
	364
	365

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
70	366
	367
	368
71	369
	370
	371
72	372
	373
	374
73	375
	376
	377
74	378
	379
	380
75	381
	382
	383
76	384
	385
	386
77	387
	388
	389
78	390
	391
	392
79	393
	394
	395
80	396
	397
	398
81	399
	400
	401
82	402
	403
	404
83	405
	406
83	407
84	408
	409
	410
85	411
	412
	413
86	414
	415
	416

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenz n Seq. ID. No.
87	417
	418
	419
88	420
	421
	422
90	426
	427
	428
	429
91	430
	431
	432
92	433
	434
	435
93	436
	437
	438
94	439
	440
	441
95	442
95	443
	444
96	445
	446
	447
98	451
	452
	453
	454
99	455
	456
	457
100	458
	459
	460
101	461
	462
	463
102	464
	465
	466
103	467
	468
	469
104	470
	471
	472

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
105	473
	474
	475
106	476
	477
	478
107	479
	480
	481
108	482
	483
	484
109	485
	486
	487
110	488
	489
	490
111	491
	492
	493
112	494
	495
	496
113	497
	498
	499
	500
114	501
	502
	503
115	504
	505
	506
116	507
	508
	509
117	510
	511
	512
118	513
	514
118	515
119	516
	517
	518
120	519
	520
	521
123	528
	529

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenz n Seq. ID. No.
	530
124	531
	532
	533
125	534
	535
	536
126	537
	538
	539
127	540
	541
	542
128	543
	544
	545
129	546
	547
	548
130	549
	550
130	551
131	552
	553
	554
132	555
	556
	557
133	558
	559
	560
134	561
	562
	563
135	564
	565
	566
136	567
	568
	569
137	570
	571
	572
138	573
	574
	575
139	576
	577
	578
	579
	580
	581

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

DNA-Sequenzen Seq ID No:	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
140	582
	583
	584
142	588
	589
	590
143	591
	592
	593
144	594
	595
	596
597	618
	619
598	620
	621
599	622
	623
600	624
	625
601	626
	627
602	628
	629
603	630
	631
604	632
	633
605	634
	635
606	636
	637
607	638
	639
608	640
	641
609	642
	643
610	644
	645
611	646
	647
612	648
	649
613	650
	651
614	652
	653
615	654
	655
616	656

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

DNA-S quenzen Seq ID No:	Peptid-S quenzen Seq. ID. No.
617	657 658 659

- Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 der
ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No
5 158-596, 618-659 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll**(1) ALLGEMEINE INFORMATION:**

- 5 (i) ANMELDER:
(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
(B) STRASSE: Ihnestrasse 63
(C) STADT: Berlin
(E) LAND: Deutschland
10 (F) POST CODE (ZIP): D-14195
(G) TELEFON: (030)-8413 1673
(H) TELEFAX: (030)-8413 1674
- 15 (ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus
Pankreastumorgewebe
- (iii) Anzahl der Sequenzen: 633
- 20 (iv) COMPUTER READABLE FORM:
(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
(B) COMPUTER: IBM PC compatible
(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
25 (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1202 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

50 cttcatcgat agctaccgct gcttccaacc aaagcaggag ggggccttca cctgctggtc 60
agcagtcact ggcgcccgcc atctcaacta tggctcccgg cttgactata ccctggggga 120

```

caggaccctg gtcatagaca cctttcaggc ctctttcctg ctgcctgagg tgatgggctc 180
tgaccactgc cctgtgggtg cagtcttgag tgtgtcctct gtgcctgcaa aacagtgcc 240
acctctgtgc acccgcttcc tccctgagtt tgaggcacc cagctcaaga tccttcgctt 300
cctagtctct ctgcaacaaa gtctgtgtt ggagcagtcg acgctgcagc acaacaatca 360
5 aacccgggta cagacatgcc aaaacaaagc ccaagtgcgc tcaaccaggc ctcaagccag 420
tcaggttggc tctagcagag gccagaaaaa cctgaagagc tactttcagc cctcccctag 480
ctgtccccaa gcctctcctg acatagagct gcctagccta ccactgatga gcgccctcat 540
gaccccgag actccagaag agaaggcagt ggccaaagtg gtgaaggggc aggccaagac 600
ttcagaagcc aaagatgaga aggagttacg gacctcatc tggaagtctg tgctggcggg 660
10 gcccttgcc acacccctct gtgggggcca caggagacca tgtgtgatgc gtactgtgaa 720
gaagccagga cccaacttgg gccgcgctt ctacatgtgt gccaggcccc gggttcctcc 780
cactgacccc tcctcccggg gcaattcttc ctctggagca ggcccagctg aaccaatgga 840
ggcctgggga catctggcat ggtcaccctt gcacatgac tgaggccagc tcccctccc 900
tgagctgcct cctgcttctc cctcaaagtc tctaccctt ctcttctctt tttaagccct 960
15 ctcttcctcg ctttccttcc tacctagctc cttgttggtg agcttcttgt gccttaatcc1020
tgtgaccag ccccttacac cactttccac cttcctgtcc gaagtacac gacactagct1080
gccccaggaa gttgtgtgat tttaaatcac ttctgtcttt gctggaaagt gtatttgtgc1140
ataaataaag tctgtgtatt tgtttcaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaagga ggtttgagg1200
gg 1202

```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1072 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

```

45 cctccatcag ctgcgcgcgc agcggctgta tttgcggcct gtgcgagtag gcgcttgggc 60
actcagtctc cctggcgagc gacgggcaga aatctcgaa cagtggagcg cactcgtaac 120
ctggatccca gaaggtcgcg aaggcagtag cgtttcctca gcggcggaact gctgcagtaa 180
gaatgtcttt tccacctcat ttgaatcgcc ctcccatggg aatcccagca ctcccaccag 240
ggatccacc cccgcagttt ccaggatttc ctccacctgt acctccaggg accccaatga 300
50 ttctgtacc aatgagcatt atggctcctg ctccaactgt cttagtaccc actgtgtcta 360
tggttgaaa gcatttgggc gcaagaaagg atcatccagg cttaaaggct aaagaaaatg 420
atgaaaattg tggctctact accactgttt ttgttgcaa cattccgag aaagcttcag 480
acatgcttat aagacaactc ttagctaaat gtggtttggt tttgagctgg aagagagtac 540
aaggtgcttc cggaaagctt caagccttcg gattctgtga gtacaaggag ccagaatcta 600
55 cctccgctgc actcagatta ttacatgacc tgcaaatgg agagaaaaag ctactcgta 660
aagttgatgc aaagacaaag gcacagctgg atgaatgaa agcaagaag aaagcttcta 720
atgggaatgc aaggccagaa actgtcacta atgacgatga agaagccttg gatgaagaaa 780

```

caaagaggag agatcagatg attaaagggg ctattgaagt ttaattcgt gaatactcca 840
 gtgagctaaa tgccccctca caggaatctg attctcacc ccaggaagaa gaagaaggaa 900
 aagaaggagg acattttccg cagatttcca gtggcccccac tgatccctta tccactcacc 960
 actaaggagg atataaatgc tatagaaatg gaagaagaca aaagagacct gatattctcga1020
 5 gagatcagca aattcagaga cacacataag aaactggaag aagagaaagg ca 1072

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 1468 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

30 gcacgaggta ttatgctgtc gtatggctcc actgcagaaa gcaaaagtaa taagactaat 60
 aaaaatatca cctgagaaac ctataacatt ggctgttggg gatgggtgcta atgacgtaag 120
 catgatacag gaggcccatg ttggcatagg aatcatgggt aaagaaggaa gacaggctgc 180
 aagaaacagt gactatgcaa tagccagatt taagtccctc tccaaattgc tttttgttca 240
 35 tggctcatctt tattatatta gaatagctac cctgttacag tatttttttt ataagaatgt 300
 gtgctttatc acacccaggt ttttatatca gttctactgt ttgttttctc agcaaaccatt 360
 gtatgacagc gtgtacctga ctttatataa tatttgtttt acttccctac ctattctgat 420
 atatagtctt ttggaacagc atgtagaccc tcatgtgtta caaaaataagc ccacccttta 480
 tcgagacatt agtaaaaacc gcctcttaag tattaaaaca tttctttatt ggaccatcct 540
 40 gggtcttcagt catgccttta ttttcttttt tggatcctat ttactaatag ggaaagatac 600
 atctctgctt ggaaatggcc agatgtttgg aaactggaca tttggcactt tggctctcac 660
 agtcatggtt attacagtca caataaagat ggctctggaa actcattttt ggacttggat 720
 caaccatctc gttacctggg gatctattat attttatttt gtattttcct tgttttatgg 780
 agggattctc tggccatttt tgggctccca gaatatgtat tttgtgttta ttcagctcct 840
 45 gtcaagtggg tctgcttggg ttgccataat cctcatgggt gttacatgtc tatttcttga 900
 tatcataaag aaggtctttg accgacacct ccacctaca agtactgaaa aggcacagat 960
 gtactccaac acagttgctt taagtacaga gttcatcgca ctgcagccat tgtcgagggc1020
 aaggaatcag ctgagcaaac ttagcttact gaaacaaatg caggtatcaa gtgcttggac1080
 tccatgtgct gtttcccgaaggaggagaagca gcgtgtgcat ctgttggaag aatgctggaa1140
 50 cgagttatag gaagatgtag tccaaccac atcagcaggt gtgaaatctc tctaagtagc1200
 ctttgctgca gatgagtatc ctatctggaa caggatgaac ctgccgctct agatacctaa1260
 taaatcagca gctggtttta ccaactgaag caggaagtct gctatttatt agcactcttt1320
 ggtggtagat ttcactttgt ggctttgggg taagggtctt ttcactcaca aaggaagaga1380
 aagcaccttt gaagagactt catctaataa acaaaaaatt ttgtttcata atctttctaa1440
 55 aatgggctca gtaggagtgg gtgtatgg 1468

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2331 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

```
25  cggctcgaga aaggacctct ccccttttcag atgcctggca tgaggcttcc agaaacccag 60
    gttctttccag gagaataga tgagactcct ctttccaagc caggacatga ccttgccagc 120
    atggaggata aaacagagaa atggtcttcc cagcctgaag gtccacttaa attgaaagct 180
    tcaagtactg atatgccatc ccagatttct gtggttaatg tggatcaact gtgggaagat 240
    tctgtcctaa ctgtcaaatt ccccaaatta atggtaccaaa ggttctcctt ccctgcccc 300
    agctcagagg atgatgtgtt catcccact gtgagggaag tgcagtgtcc agaggccaat 360
30  attgatacag ccccttgtta ggaaagtccg gggctctggg gagccagcat cctgaaggca 420
    ggtgctgggg tccctgggga gcagcctgtg gaccttaacc tgcctttgga agctccccc 480
    atttcaaagg tcagagtgc tattcagggt gctcagggtg aaagtcaaga ggtcactata 540
    cacagcatag tgacaccaga gttttagat ctctcagta caggacttt ttccactcag 600
    attgtgcggg aatcagagat cccacgtca gagattcaaa caccttcgta cggattttcc 660
35  ttattaaaag tgaaaatccc agagcccac acgcaggcta gagtgtacac aacaatgact 720
    caacactcta ggactcagga gggcacagaa gaggtcccca tacaagccac cccaggagta 780
    gactccattt ctggagatct ccagcctgac actggagaac catttgagat gatctcttcc 840
    agcgtcaatg tactgggaca gcaaacactc acatttgaag ttcttcttg ccaccagctt 900
    gcagacagct gttcagatga ggagccagca gaaattcttg agtttcccc tgatgatagc 960
40  caagaggcaa ccacaccact ggcagatgaa ggcagggtc caaaagacaa accagaaagt1020
    aaaaaatctg gtctgtctg gttttggctt ccaaacattg ggttttcctc ttctgttgat1080
    gagacaggtg ttgattccaa aaatgacgtc cagagatctg ctccattca aacacagcct1140
    gaggcacgac cagaggcaga actgcctaaa aaacaggaga aggcaggctg gttccgattt1200
    cccaaattag ggttctctc atctcctacc aagaaaagca aaagcaccga agatggggca1260
45  gagctggaag aacaaaaact tcaagaagaa acaatcacgt tttttgatgc ccgagaaagt1320
    ttctccctg aagagaagga agagggtgaa ctgatcgggc ctgtgggcac tgggctggac1380
    tccagagtga tgggtacatc cgcggaagaa acagagttaa tcctgccga gcaggacaga1440
    aaagctgacg atgaaagcaa agggtcaggc ctgggaccaa atgaaggctg agaggtatgg1500
    ctcatcagta caagagagat gcaaaaaact aagtgggaaa gtaaggcta cacacacata1560
50  tggagcacc ccatccacag cacattacat ccacctact tcacagaacg gagaacagag1620
    cagaaatgac cagaacacct ttgtcaccaat cacacagccc tcctaaaatg gaaccaagc1680
    ttccagctc cctcaaagct ttggatgcaa agaaggcacc ctgacttcca caagacacca1740
    gaattcacac ggtactcaga ggcactgtg ggaagtgtt ttggtcttta ttagataaat1800
    ttccagagac ctgtccataa taccacaag aacatgactg tttctttgag gaaagggtta1860
55  taatgtctgt ggtgtacaag tcgtttttg tataacttct ttctgctgc tgcgtgcttcc1920
    cggcaaacat agttttccta ttccaggcag agtgcggtat attccaggaa acactgtttc1980
    ctactcactt agcttacttc tttgttgaat gcctcactaa tggcaagttt caagatgttt2040
    tgggtgacaa tgcacacatg ctgggcaaaa ggggtgatggc cagtggctg cagctgggcc2100
```

agcagaagct aggacatctg tgagttgtca ttctcatcta tccatgtcca ctggcctgcc2160
 agcatccgcc agtgccttgc cagtgtgcac ggtcccacac tgtggccctt gagtccccta2220
 atgtacacgc tgcagccaga atgcagatgg agctggcttg gctgttccct ggatgggcaa2280
 taaagaaagt gctgcatccc aaaaaaaaaa aaaaagtaaa aaaaaaaagg g 2331

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1925 Basenpaare

10

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:5

30 aataaaaaaa attgtattta cttagaagca ttcagaatgt caacaaaaca gccgcaattt 60
 tttttttgca attacagagt ggtattcagt taacagaaca acaattatct tcgtataagc 120
 tgcatacagag acaactgaag atgaaaaaaa taaaacccaa aaagaaaacc aaaagaaaaa 180
 aaaaaaaaaa acaaaaaaca aaactaccat ccccatatat aactaatttg tgctgtgcac 240
 caacaagAAC ctgcttttaa tttccatgcc aattttacaac ccccatactg taccaggcaa 300
 35 ggtagtgagg tattgaaat accaccagga cagggtatc taaagacaca ttcggtagt 360
 tggttaactat acaaaaaaag acactgtaca gttaaaaaa aaatcttaca cagccttaca 420
 tttcaatttt tttcttttaa aggagtgaat tgtgtacagg ggggttaa atgctttataga 480
 caagaaaaaa aaaactgcgc tagaaccaac ttattcatca tcatcatctt cttcttcatc 540
 ttcattctct tcatcttctt cctcctcctc atcctcttca tcttctctcat cttcctcctc 600
 40 ttccttcttt ttccttgctt tttcagcctt gacaactccc ttttttgctg catcaggctt 660
 tccttttagct cgatatgcag caatatcctt ttcgtatttt tcttctcact cgcagccttc 720
 ttttcataag gctgcttgct atctgcagca gtgttattcc acatctctcc cagtttcttc 780
 gcaacatcac caatggacag gccaggatgt tctcctttga tttttgggag atactcagag 840
 cagaagagga agaaggccga aggaggcctc ttgggtgcat tgggacctt gaacttcttt 900
 45 tttgtctccc ctttgggagg gatataagtt ttcattttct tttcataacg ggccttgctc 960
 gcttttgcca tatcttcaaa ttttcctttc tcttttagcag acatgggtctt ccacctctct1020
 gagcacttct tagaaaaactc tgagaagttg actgaagcat ctgggtgctt cttctttatgc1080
 tcctcccgc aagtttgcac aaaaaatgca tatgatgaca ttttgctctt cggcttcttall140
 ggatctcctt tgcccatggt tagttatttt tctaaaaaat aaaataaata tttgatgtta1200
 50 gcaataaaat tatgacatat aagaccttaa agtacttagt aagggaatga aaaccaagt1260
 actggttatt taacacagta gcgacatcaa cctccgtaaa atcagacaag aatatggccg1320
 agagattaaa ttccttgaag gggctatgcc aagcaaaaca aacaaaaaca aaacagtcct1380
 tcaggggcgt ctcaaaaagt ctgacacaaa agatataccc atacagtatt ccctatctat1440
 ccgcccagat ctgctctgaa tgagtatcta actggctact taaacgattt taaaatctag1500
 55 aacaccattt taaaccaacc aaaccaagg tcagaaaaca tgctgccaat tcgtggcttt1560
 gcactagata gggaataaac aagggcctaa gcgagtcgac tcttccta attgaggacct1620
 taaaaaaaaa aatcacctgt caccgaaagt ttcaaaaaac accctctttg cataaaactt1680

5

10

(D) TOPOLOGIE: linear

15

20

(C) ORGAN:

25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

35

45

50

55

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 424 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7
- ```

gaatgccctt tgggggccag gggcccctgg gagccccgcc accctttccc acttggccgg 60
ggtgccccga gccgccaccc ctgcacgcat ggcaggctgg cccccccca gagccctccc120
cacagccagc agcctttcca cagtcaactgc ctttcccga gtcccagcc ttccctacgg180
cctcacccgc acccctcag agccagggc tgcaaccctt cattatccac cacgcacaga240
tggtacagct ggggctgaac aaccacatgt ggaaccagag aggggccag gcgcccagg300
acaagacgca ggaggcagaa tgaccgcttg tccttgccctg accagctggg gaacaaccct360
ggaccgaggc atcggccagg acccatagag cacccggtt ttccctgtgc cttttggaa420
attg

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1020 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:8

```

5 caagtaaatg cagcactagt ggggtgggatt gaggctatgc cctggtgcat aaatagagac 60
 tcagctgtgc tggcacactc agcggctctg gaccgcatcc tagccgccga ctcacacaag 120
 gcagggtgggt gaggaatccc agagttgcca tggagaaaat tccagtgcca gcattcttgc 180
 tccttgtggc cctctcctac actctggcca gagataccac agtcaaacct ggagccaaaa 240
 aggacacaaa ggactctcga cccaaactgc cccagaccct ctccagaggt tggggtgacc 300
 aactcatctg gactcagaca tatgaagaag ctctatataa atccaagaca agcaacaaac 360
 ccttgatgat tattcatcac ttggatgagt gccacacag tcaagcttta aagaagtgt 420
10 ttgctgaaaa taaagaaatc cagaaattgg cagagcagtt tgtcctctc aatctggttt 480
 atgaaacaac tgacaaacac cttctcctg atggccagta tgtcccagg attatgtttg 540
 ttgacccatc tctgacagtt agagccgata tcaactggaag atattcaaac cgtctctatg 600
 cttacgaacc tgcagatata gctctgttgc ttgacaacat gaagaaagct ctcaagttgc 660
 tgaagactga attgtaaaaga aaaaaaatct ccaagccctt ctgtctgtca ggccttgaga 720
15 ttgaaacca gaagaagtgt gagaagactg gctagtgtgg aagcatagtg aacacactga 780
 ttagggttatg gtttaattgtt acaacaacta ttttttaaga aaaacaagtt ttagaaattt 840
 ggtttcaagt gtacatgtgt gaaaacaata ttgtatacta ccatagttag ccatgatttt 900
 ctaaaaaaaaa aaataaatgt tttgggggtg ttctgttttc tcaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 960
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaattgcc cccaagggga cgggttacaa ttggggggcg1020
20

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 718 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

```

45 tgaaaaagta aactacattt cctagcgtgc ccgtgtcttg cttccggctg acgtgtcttt 60
 caggaagagg agctgggtgag aagacagcga aatggcgccct ccggcccccg gcccgccctc120
 cgggcggtccc ggggaggtag acgagctggt cgacgtaaaag aacgccttct acatcggcag180
 ctaccagcag tgcataaacg aggcgcacgg gtgaagctgt caagcccaga gagagacgtg240
 gagagggacg tcttcctgta tagagcgtac ctggcgacga ggaagtccgg tgtggtcctg300
50 gatgagatca agccctcctc ggcccctgag ctccaggccg tgcgcatgtt tgctgactac360
 ctgcgccacg agagtcggag ggacagcatc gtggccgagc tggaccgaga gatgagcagg420
 agcgtggacg tgaccaaacac cacttctctg ctcatggccg cctccatcta tctccacgac480
 cagaaccggg atgccgccct gcgtgcgtg caccaggggg acagcctgga gtgcacagcc540
 atgacagtgc agatcctgct gaagctggac cgccctggacc tcgccccgaa ggagctgaag600
55 agaatgcagg acctggacga ggatgccacc ctaccccagc tcaaggtctt ggtaagcttg660
 caacgggtgt aaaagctcaa ggatccttct gatttcaggg attggtaaaa ttgttcca 718

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1202 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

```

25 gcaggaccgt cattgacgcc atgagcgcgc tgctgcggct gctgcgcacg ggtgccccag 60
 ccgctgcggtg cctgcggttg gggaccagtg cagggaccgg gtcgcgccgt gctatggccc 120
 tgtaccacac tgaggagcgc ggccagccct gctgcgagaa ttaccgcctc ttctttaaga 180
 atgtaactgg tcactacatt tcccccttc atgatattcc tctgaagggtg aactctaaag 240
 aggaaaatgg cattcctatg aagaaagcac gaaatgatga atatgagaat ctgtttaata 300
30 tgattgtaga aatacctcgg tggacaaatg ctaaaatgga gattgccacc aaggagccaa 360
 tgaatcccat taaacaatat gtaaaggatg gaaagctacg ctatgtggcg aatatcttcc 420
 cttacaaggg ttatatatgg aattatggta ccctccctca gacttgggaa gatccccatg 480
 aaaaagataa gagcacgaac tgctttggag ataatgatcc tattgatgtt tgcgaaatag 540
 gctcaaagat tctttcttgt ggagaagtta ttcattgtga gatccttgga attttggtc 600
35 ttattgatga aggtgaaaca gattggaaat taattgctat caatgcgaat gatcctgaag 660
 cctcaaagtt tcatgatatt gatgatgtta agaagttcaa accgggttac ctggaagcta 720
 ctcttaattg gttagatta tataagggtac cagatggaaa accagaaaac cagtttgctt 780
 ttaatggaga attcaaaaac aaggcttttg ctcttgaaat tattaaatcc actcatcaat 840
 gttggaaagc attgcttatg aagaagtgtat atggaggagc tataaattgc acaaacgtgc 900
40 agatatctga tagccctttc cgttgcactc aagaggaagc aagatcatta gttgaatcgg 960
 tatcatcttc accaaataaa gaaagtaatg aagaagagca agtgtggcac ttccttggca1020
 agtgattgaa acatctgaaa ttctgctgtc aagattccca tctctaagga ctccaagtgc1080
 tagagacaag ggggtctatg agcatttact gacttcctgt taaaacttca ttttttcaaa1140
 ctttttgagc tatgcaatat ataaataaac agtaagaatt ttaaattaaa aaaaaaaaaa1200
45 aa 1202

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1610 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:11

15

```

ggagccggga ctcgcgggcg gcgggcgggg gcgtcgctgc gcggtcgcc ggtgaggccg 60
cgccatgggg cgagtgcagc tcttcgagat cagcctgagc cacggccgcg tcgtctacag 120
ccccggggag ccgttggctg ggaccgtgcg cgtgcgcctg ggggcaccgc tgcggttccg 180
agccatcccg gtgacctgca taggttcctg cggggtctcc aacaaggcta atgacacagc 240
gtgggtagtg gaggagggtt acttcaacag ttccctgtcg ctggcagaca aggggagcct 300
gcccgcctga gagcacagct tccccttcca gttcctgctt cctgccactg caccacgctc 360
ctttgagggt cctttcgga agatcgtgca ccagggtgagg gccgccatcc acacgccacg 420
gttttccaag gatcacaagt gcagcctcgt gttctatatac ttgagcccct tgaacctgaa 480
cagcatccca gacattgagc aacccaacgt ggctctgcc accaagaagt tctcctacaa 540
gctggtgaag acgggcagcg tggctctcac agccagcact gatctccgcg gctatgtggt 600
ggggcaggca ctgcagctgc atgccgacgt tgagaaccag tcaggcaagg acaccagccc 660
tgtgtgggcc agtctgctgc agaaagtgtc ctataaggcc aagcgtgga tccacgacgt 720
acggaccatt gcggagggtg aggggtcgggg cgtcaaggcc tggcgggggg cgagtgcca 780
cgagcagatc ctggtgcctg ccttgcccca gtcggccctg ccgggctgca gcctcatcca 840
catcgactac tacttacagg tctctctgaa ggcgcgggaa gctactgtga ccctcccggt 900
cttcattggc aatattgctg tgaacatgc cccagtgagc ccccgccag gcctggggct 960
gcctcctggg gccccacccc tgggtggtgcc ttccgcacca ccccgaggag aggctgaggc 1020
tgaggctgcg gctggcggcc cccacttctt ggaccccgctc ttcctctcca ccaagagcca 1080
ttcgcagcgg cagcccctgc tggccacctt gagttctgtg cctggtgctc cgagccctg 1140
ccctcaggat ggagccctg cctcacaccc gctgcaccct cccttgtgca tttcaacagg 1200
tgccactgtc cctactttg cagagggctc cggggggcca gtgcccacta ccagcacctt 1260
gattcttctc ccagagtaca gttcttgggg ctaccctat gagggccac cgtcttatga 1320
gcagagctgc ggcggcgtg aacccagcct gacccctgag agctgacccc gtgctgcctt 1380
ctccaggcag gcctggcctc tgcctgggga ctggggcgcc cagggcctcg tgccttctct 1440
cttggcctag cctggccccc tcaggacctg cccagcctct gccagctcct ctgcatccgc 1500
cctcttctcc ctggggctgg ggtgggggtg gcagggagct gggacctgga gagacaactc 1560
ctgtaataaa aacactttat ttgtagaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1610

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2155 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:12

```

cacgcaagga tgaggcgggg tttcgccgtg ggcgcgatgc gtgcagcaaa gaatggagga 60
gtcggaaacc gaacggaagc gggctcgac cgacgaggtg cctgccggag gaagccgctc 120
cgaggcggaa gataggacg acgaggacta cgtgccctat gtgccgttac gccagcgccg 180
gcagctactg ctccagaagc tgctgcagcg aagacgcaag ggagctgcgg aggaagagca 240
gcaggacagc ggtagtgaac cccggggaga tgaggacgac atccccctag gccctcagtc 300
caacgtcagc ctccctggatc agcaccagca ccttaaagag aaggctgaag cgcgcaaaga 360
gtctgccaa gagaagcagc tgaaggaa gaagaagatc ctggagagtg ttgccgaggg 420
ccgagcattg atgtcagtga aggagatggc taagggcatt acgtatgatg accccatcaa 480
aaccagctgg actccacccc gttatgttct gagcatgtct gaagagcgac atgagcgctg 540
gcggaagaaa taccacatcc tgggtggagg agacgggtatc ccaccacca tcaagagctt 600
caaggaaatg aagtttctg cagccatcct gagaggcctg aagaagaaag gcattcacca 660
cccaacaccc attcagatcc agggcatccc caccattcta tctggccgtg acatgatagg 720
catcgctttc acgggttcag gcaagacact ggtgttcacg ttgcccgtca tcatgttctg 780
cctggaacaa gagaagaggt tacccttctc aaagcgcgag gggccctatg gactcatcat 840
ctgcccctcg cgggagctgg cccggcagac ccatggcatc ctggagtact actgccgctc 900
gctgcaggag gacagctcac cactcctgcg ctgcgccctc tgcattgggg gcattgtcctg 960
gaaagagcag atggagacca tccgacacgg tgtacacatg atgggtggcca cccggggcg 1020
cctcatggat ttgctgcaga agaagatggt cagcctagac atctgtcgct acctggccct 1080
ggacgaggtc gaccgcatga tgcacatggg ctgcgagggt gacatccgta ccatcttctc 1140
ctacttcaag ggccagcgac agaccctgct cttcagtgcc accatgccga agaagattca 1200
gaactttgct aagagtggcc ttgtaaagcc tgtgaccatc aatgtggggc gcgctggggc 1260
tgccagcctg gatgtcatcc aggaggtaga atatgtgaag gaggaggcca agatgggtga 1320
cctgctcgag tgcctgcaga agacaccccc gectgtactc atctttgcag agaagaaggc 1380
agacgtggac gccatccacg agtacctgct gctcaagggg gttgaggccg tagccatcca 1440
tgggggcaaa gaccaggagg aacggactaa ggccatcgag gcattccggg agggcaagaa 1500
ggatgtccta gtagccacag acgttgcttc caagggcctg gacttccctg ccatccagca 1560
cgtcatcaat tatgacatgc cagaggagat tgagaactat gtacaccgga ttggccgcac 1620
cgggcgctcg ggaaacacag gcatcgccac taccttcac aacaaagcgt gtgatgagtc 1680
agtgtgatg gacctcaaag cgctgctgct agaagccaa cagaaggtgc cgcccgctg 1740
gcaggtgctg cattgcgggg atgagtcctat gctggacatt ggaggagagc gcggctgtgc 1800
cttctgggg ggccctgggtc atcgatcac tgactgccc aaactcgagg ctatgcagac 1860
caagcaggtc agcaacatcg gtcgcaagga ctacctggcc cacagctcca tggacttctg 1920
agccgacagt cttcccttct ctccaagagg cctcagtcac caagactgcc accagtctac 1980
acatacagca gccccctgga cagaatcagc atttcagctc agctggcctg gaatgggcca 2040
ggctggtcct ggctgcctgt tccctgtgct cttcagaatt actgtttttg tttcctttta 2100
ccccagctgc cattaaagcc caaacctcta gcccaaaaaa aaaaaaaa aaaaa 2155

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1743 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

15 cctgggcggg cctgcgtca ggttgagtt tcacttttag ctctgggac etccagctcc 60  
tgctcgccgg acggctccca gggagagcag acgcgccaga cgcgccaccc tcggggcgcc 120  
gacggtcacg gagcatggg tggcctttg agcgggtagt ccggagagtg gtccaggagc 180  
tggaccatgg tggggagttc atccctgtga ccagcctgca gagctccact ggcttccagc 240  
cctactgcct ggtggttagg aagccctcaa gctcatggtt ctggaaaccc cgttataagt 300  
20 gtgtcaacct gtctatcaag gacatcctgg agccggatgc cgcggaacca gacgtgcagc 360  
gtggcaggag cttccacttc tacgatgcc aagatcgag gcggggccgc ggtgtctgac agctccagca 480  
tggcagcccc aggacaggca aagatcgag gcggggccgc ggtgtctgac agctccagca 480  
cctcaatgaa tgtgtactcg ctgagtgtgg accctaacac ctggcagact ctgctccatg 540  
agaggcacct gcgcagcca gaacacaaag tcctgcagca gctgcgcagc gcggggacaa 600  
25 cgtgtacgtg gtgactgagg tgctgcagac acagaaggag gtggaagtca cgcgcaccca 660  
caagcgggag ggctcggggc ggttttccct gcccgaggcc acgtgcttgc aggggtgaggg 720  
ccagggccat ctgagccaga agaagacggt caccatcccc tcaggcagca ccctcgcat 780  
ccgggtggcc cagctggtta ttgactctga ctggagctc cttctcttcc cggataagaa 840  
gcagaggacc ttccagccac ccgcgacagg ccacaagcgt tccacgagcg aaggcgctg 900  
30 gccacagctg ccctctggcc tctccatgat gaggtgcctc cacaacttcc tgacagatgg 960  
ggtccctgcg gagggggctg tcaactgaaga cttccagggc ctacgggcag aggtggagac 1020  
catctccaag gaactggagc ttttgacag agagctgtgc cagctgctgc tggagggcct 1080  
ggagggggtg ctgcgggacc agctggccct gcgagcctt gaggaggcgc tggagcaggg 1140  
ccagagcctt gggccggtgg agccctgga cgtccagca ggtgctgtcc tggagtgcct 1200  
35 ggtgtgtgcc tccggaatgc tgggtgccga actcgctatc cctgttgtct acctgctggg 1260  
ggcactgacc atgctgagtg aaacgcagca caagctgctg gcggaggcgc tggagtgcga 1320  
gacctgttg gggccgctcg agctggtggg cagcctcttg gagcagagt ccccgtagga 1380  
ggagcgagca ccatgtccct gcccccggg ctctgggga acagctgggg cgaaggagca 1440  
ccggcctggg tcttgctgga cgagtgtggc ctgagctgg gggaggacac tccccacgtg 1500  
40 tgctgggagc cgcaggccca gggccgcatg tgtgactct acgcctccct ggcaactgcta 1560  
tcaggactga gccaggagcc ccactagcct gtgccgggc atggcctggc agctctccag 1620  
cagggcagag tgtttgcca ccagctgcta gccctaggaa ggccaggagc ccagtagcca 1680  
tgtggccagt ctaccatggg gccaggagt tggggaacaa caataaaggt ggcatacgaa 1740  
gga 1743

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 970 Basenpaare

50

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:14

cggtctcgagt ggggttttttag tttgttcctt ctttttgaag tcccttcatt tcaatccttg 60  
actctctctc cccttccctt gccagctct gttgaatgct gctgtgcgcg tgtgagggcc120  
15 gctctgcaca cagggccctt ggggtgtgtg aactgaaatt ctccctgtat ttgtgagact180  
cgagggagtc cccatctgta gcacaggcaa tgccagtgcc atgctgcagc ctcagaaacc240  
aggcctctca ctccagcagc aggcagaacc gtgtctgtgg tcgggtgctg tccacagctc300  
tgtctgcctt gttcttgggc ttgagctgga tagagggtgg gtctcttcac cttccctgaa360  
ttcagaacag accctgtgcc tggccccagt gtgcccaggc aattccccag gccctcattg420  
20 ggagcccttg gtgttctgag cagcagggcc caggcagcac atgagcagtg ccaggggct480  
ccctgcgtga ggacggcaag gtgcgatgta tgtctaactt attgatggca ggcagccccc540  
tgtgccccct aagcctggcc ctggttattg ctgagctctg tgctcagtcg tgcggcctgg600  
ccgtggctcg tctgttcctt tggggggccc gggcggttg tgggaatcag tcttcacaga660  
cagacgtgag ccaggcggag gactcgttcc ttgcagaggt cagtcctcac ctgcaggtgt720  
25 cgggtgtggg gggggcaagg aggggcaggc acacaccatg tctgacctga acccgattct780  
ggggagcatc ttcccgtcc ggcaccacga cctccacagg gttacattgt aatatatatg840  
ccccagctaa cctgtctgat ggtggcatct tcctgcagac atttcaaaca tgtaactttt900  
atatgaaaaa aaataaacac agatgaaagc tgcccaatgc caaaaaaaaaa aaaaaaaaaa960  
aaaaaaaaa 970

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35 (A) LÄNGE: 2003 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
40 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:15

55

gagagatctg aaataacctt tcccagtggg cagggttgcc aggggtgagg ggacagcaca 60

```

taccaccccc acccaacctg ttcgaggggc cctgcatggc acgggatgag tccctgccct 120
gtgcagctgc ctggcagtgg ctgggacaag gatcttgacg ccagcacaga ggcctcttca 180
aaggcctctc cctcttgga ctcaggcaaa ggcaggtgcc cgcttcccca acacctccag 240
gcagtgaccc tagggcatgc cccagcaggt ctccgagcag ccaactgggac cgtctcagc 300
5 acatcctggc ctttgaaagt ctgatatcct gagaggagg caggttttag ggccgcagtt 360
ccagccagcg tccccagcct ggcttccctg ccatggactc agtagctcgt ggggcttctt 420
accacccacc agccccgctg ggggtcgggc ttgctgtggg caaaggagga cttgcttgga 480
gatttgagag aagattcctt ctaccagggc tgctgagggg ccaggcctgc atcaggggct 540
aggctctggc tgggcccga ggctgagact aaggctttcg accctgggtg ctcctatgtg 600
10 atgctgcctc agacaaaggc agtgagcctt cccctgcaaa gtgcccatcc catgggctcg 660
gcctcactgg tcaactgttag cccatgaaca cgtgtggggc tcggtcacgt ggctttgagg 720
gcagtctgac caggctagac cacacgtgcc gtgacagggg gtgccattcc cctcgaggc 780
tctaattgtc ccacatgtag cctggcagtc caaagaccaa gaatcaactt gcaaactctg 840
cattaaactc ctgtgcgact tcaggcatat cactgccttc tctgggcttc agtgtcctt 900
15 tcatacctag aagtctgcgg tctgaggctc tttgggttca gacacactgt tctaggcttc 960
tgtaggggac cttgtgatct gccgtgcccc tcttccctgt tcttttctgt cctccccacc 1020
ccaccctcag aagctgcttg ctctgcccc aggacaggag cttgacggat gaagtgcagc 1080
cagccaccca ggtgccattt ccagctgac ttccagaaat gtgcaccatg tcctagagca 1140
cagacccatt ggctggagcc tcctgggagg gttcaaacca tcagctctat gagaaatgcc 1200
20 cagaaaggct ttgccgactc catccgtctg tggaggctgc ctgcctccgg ggtgggatgg 1260
gtggtttctc ctccaattca gacccaagag gtagccccc agggcatgta cctgggtggg 1320
agcagctcag gtacccttg gggttgcagg gcccttacgc aggtatttct ctctctctcc 1380
tctctggggt gcgtgtgtgc gtgcgcgtgt gcgtgcctat gcttttctct gtgggcacat 1440
caggatgccc ctgggagagc atgtgcacgt gtccccacct gagcgagcgt gtgtgtgtgc 1500
25 tctctgctgc cccagggttg gacgtctagg gtttggtgtg cctgtcttct gccctccctg 1560
agccacacag gtcagtcaat gtatcttcta cgtgcctctc cctctgcctt ctctcacagt 1620
gccccggct ccagagctca ggggtagggg ttctcctgag ggtgcagggg atccttctca 1680
tctcctggac cctccagggc actctggtcc ctattcccca gctcctaggc agctgagccg 1740
ggtcccttag gggaggtgac caggagcttt ggtgcagggg gctcttggtg gggcaaaggg 1800
30 ctggacccct gccagggtctg tggacatggt tatatgcccg ggagaggggg gtgcagggcc 1860
ccagggatgg cccccaatcc cacctctggt tattctgtaa actgcaacct ataaataacc 1920
tttagcattc ctattgtaac aaaattaatt tttatgaaat aaattatatt tcctagtcta 1980
ataaaaaaaaa aaaaaaaaaaa aaa
2003

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 2279 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:16

gattgaatta agcccttggg tttgccccac tgcagcttca agcggaaagg aaggaaccag 60  
 ttggaccagt ggtcacagac ccaagcaaaa ggcgaccgca atcagcagct ggggtctcacc 120  
 cctttcctct gaaccagtga cccaaacctt tcaccctcga ttgggcaacc ttggcctggg 180  
 5 gcatgtttat caccactgaa gtgacttgca gctatcaaag accagttaga ggggtgtgcag 240  
 caagcacttt ctcaggctgc ccccatccca gaagaggaca cagacactga agaaggatgat 300  
 gactttgaac tacttgacca gtcagagctg gatcaaattg agagtgaatt gggacttaca 360  
 caagaccagg aagcagaagc acagcaaaat aagaagtctt caggtttcct ttcaaactctg 420  
 ctgggaggcc attaatctag gaatcagctt gcaacagagc acaaaaaaca ccaaaaaaat 480  
 10 ttcaaacaaa aaaaaaaaaa aaaaaaggaa aagaaaaaaa ttgaactgta agctttaatg 540  
 attacttttag atttgtttta ttttcctcc tgcagtgaat taattggata tatatcagct 600  
 gacactgata gattgatatt tctgatcgtt attttttgtt aataagcatg gaaatgaact 660  
 ttatacacac cactgtgttg tcagagataa atattagggg ttgtttttta agcaaaaaga 720  
 aaaaaacaaa aaccaaacta ttaaaatcct cctataaata ttctttttct ttacagtttt 780  
 15 tcaagcatgc aaacacagttt attgtaactt actgaaaaat attaacaatt aattgtgaat 840  
 acatgctgtt accagcttcc ttattcctaa tacctggaaa attttttttt caacggatag 900  
 attttgatgt aaaaaagacc gaaattatca aggtatctta gttgaaggac ttgggaaata 960  
 ctatcaaaa taatttctta ggaaaaaatt taaaagtata tttaagtact ctggatagac 1020  
 tgaacggttt cctagttatt tctgcagttg tagacttagg cttatttgta aagaagcatg 1080  
 20 ctccattgac tgccatctct agtcttcgag tgggtgggtat taaccatag aaagcaagca 1140  
 gttgtgtatc acatagacaa tggttatgat gtaaacagat tcagttgttt tgttgttcat 1200  
 tcgtcatatg tttgtgatag ggatgttggg agcacagctc tattctgcct gctcagactt 1260  
 aagttagacc cttatctttt atattatgtc atgaaaaaag tctcctaata ttgtgaaact 1320  
 agttcttgat gagtgatgtg atcatcagca ataaagatat aataactctg ttttcttagc 1380  
 25 ctgtatagag gagaggaact tgcttggtt taaaatatat ttatttgcca tttaagtata 1440  
 aatatgaat ctgtttctta ttgggaagat agaatatata tattttcctt taaacttttt 1500  
 aaggtcactt ttaaataacc aaatttgatt tatggttttt aacaaaggac taaagagctg 1560  
 aaaccaacct agttttgttt ttgtgatata aactttaagt gtcgagggac catgccagca 1620  
 actaccaaaa atctcttaaa tcttcaggta cagctggcat tttggcagat gcatagagac 1680  
 30 atctgagacc ctcagaaagg aaggataatc caagaatata ggaaatctgt gttctcttcc 1740  
 tttcatttta tcccttatat ttctaaagac taattataag taatctgaca ttttaagtga 1800  
 gctactctta tttatttttt ctttctgagg tattaaaata tctggactga gttttgccaa 1860  
 atgttaaagg gagaagagtt actgaagact ttgaacactt gctttttgtg attgcttatg 1920  
 tcattagtgc ctcagtactg tgtttgatgt cctttattga tacaagtga gcctgtgcct 1980  
 35 ttcattttta tcccatttta atacaaatgg aaacctggtg tttgaaaatc tctgaactgt 2040  
 gtgggttttg gaggaatata cctgaatttt attcaataac agtttctgga caggaagaaa 2100  
 aatacagtta catattttata aaatagtcgt tatcagattt tttttatgtg tatgtttctt 2160  
 tctttaaaac aatattcttg gatataaagt agaaaagttt aaaggtcatt tccattttct 2220  
 40 cactaaggag aaaaaagtt aaataatcca agtaattaaa gatataagtc actagatga 2279

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 761 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:17

5 aaatcttagg gtaagccagc tgccttggaa gcccaccagg gctccagact gcaggaaga 60  
 agccgggagc aggcagccat acctccactc ttgtcctcaa ggactcagct gtgtggcctt120  
 ggatttcttt ttgcgggact tgcgccctgc aggacactgg tgttgagtt ggagggtcct180  
 10 atcctgcecca ggggtgactc ccagggttgc agggggatag ggtggagaag ggtgctgtag240  
 cccttgacag cgtgaagtcc tttctgctct cttagcctat tacattagga gtacttacc300  
 tttgggtgcc aacggtccag gatcccccta aaatgggatg gggataattc aggaatcagc360  
 ctgggttggc acaggggagg tattccttgg agaggcagga ctcacacaca cccatccaga420  
 tcagtgtagc ttctccctta ggaagcctct aggacatccc ccatgttaga gtccacatca480  
 15 gcaaagctgc tctgcccttg gctactttca cttgggctac ctgccttggg ctacttccac540  
 tagctgcaac cctgggacgc atgggagggg aggggtgtga ccctcaggaa cagtgtggc600  
 cttggagggt ctagacagac cctgagcctc accaccccag ttattgtgac cccacgttcc660  
 caccatcag cctcctgggg tctctgctg tgtgaacagt agggcccaac ctggaaccag720  
 atggtacggc catgccggtc ctgcaggag ctcctgcctg g 761

20

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1403 Basenpaare

25

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:18

45 ggtggccttg cctgggtgct gggcctgcgt tctctggctg cttgctgcct gtgtgcgttc 60  
 cttggtggct ttggtctctg cactccttgg tcgtcaccgc tcaggtcctc cattcacacg 120  
 aggtcctcct cgctctggcc gctcttgctg ctccctgtctg aagaaatcag actgatttcc 180  
 tcttaagact cctagggatg tggatgaagag ctgggactca agtgagctcc acggtgtgaa 240  
 acatgaggga ggtgaggtgt ccgtccactt ccccatataa ggtgtgcatt tcagttaggc 300  
 50 tgccccgcca cagagcaggc ttcatctgct ctgccatcca gcccctctg gatgtgaggt 360  
 ggggtggaga catcatgggg tgattgcaga aagggggagt ggcggcccaac gcagcttctg 420  
 ctgaggagct gaccgctctg agctgttctg ttctgtattg ctgctctgtg tctgcatgta 480  
 ttgtgaccgt gcggtccac ctcttcacgc tgctgctaca gctgaggcct ggatcccgcc 540  
 ctttccctgt gacttacgtg tctgtaccgc gcaggcagcc ctacaaatcc tgggtgacctg 600  
 55 ctctcccaag aacagagcct gtcccagat gtcccagtag cgatgagtaa cagaggtggc 660  
 tgtggacttc ctctacttct ccttgcttga tcagggcctt cctgcctccc gctggggcagg 720

tctggccttg ctctcttggc agggcccccag cccctctgac cactctgcag ctcaccatgc 780  
 agctgatgcc aaagtgtgtg tgtccagtgt gcagcagccc tgggagccac tgccaccttc 840  
 agaggggttc cttgctgaga cccacattgc ttcacctggc cccaccatgg ctgcttgcc 900  
 ggcccaacct agcgttctgt gccatgctag agcttgagct gttgctcttc ttcaggggag 960  
 5 gaaatagggt ggagagcggg aagggtcttg ctccctaagt ttgctgctgt ggcttttttg 1020  
 ccttctccaa agacgcactg ccaggtccca agcttcagac tgctgtgctt agtaagcaag 1080  
 tgagaagcct ggggttttga gccacacctac tctctggcag catcagcatc ctactcctgg 1140  
 caacatcagg ccaacgtcca cccagcctc acattgccag atgttggcag aagggtaat 1200  
 attgaccgtc ttgactggct ggagccttca aagccactgg gatgtcctcc aggcacctgg 1260  
 10 gtcccatgac cagctccccg tctccatagg ggtaggcatt tcaactggtt atgaagctcg 1320  
 agtttcatta aatatgttaa gaataaaaac tgtctttgtt caggctgcta taacaaaaat 1380  
 ataatagcct ggggtggctta aac 1403

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

15

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1702 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

gggcgcacc ggagtgtcgg tggatgatgg catcccgagc gtgcggcgcg aggtgcactc 60  
 gtacctgact gacactctgc actcgctcat ctccgagctg agcccgagc agaaggagga 120  
 40 ctccggtcatc gtggtgctga tcgccgagac tgactcacag tacacttcgg cagtgcaga 180  
 gaacatcaag gccttggtcc ccacggagat ccattctggg ctccctggagg tcatctcacc 240  
 ctccccccac ttctacctg acttctcccg cctccgagag tcctttgggg accccaagga 300  
 gagagtccag tggaggacca aacagaacct cgattactgc ttctctatga tttacgcgca 360  
 gtccaaaggc atctactacg tgcagctgga ggatgacatc gtggccaagc ccaactacct 420  
 45 gagcaccatg aagaactttg cactgcagca gccttcagag gactggatga tcctggagtt 480  
 ctcccagctg ggcttcattg gtaagatgtt caagtgcgtg gacctgagcc tgattgtaga 540  
 gttcattctc atgttctacc gggacaagcc catcgactgg ctccctggacc atattctgtg 600  
 ggtgaaagtc tgcaaccccg agaaggatgc gaagactgtg accggcagaa agccaacctg 660  
 cggtccgct tcaaacctg cctcttccag cacgtgggca ctactcctc gctggctggc 720  
 50 aagatccaga aactgaagga caaagacttt ggaaagcagg cgctgcggaa ggagcatgtg 780  
 aaccgcgag cagaggtgag cacgagcctg aagacatacc agcacttcac cctggagaaa 840  
 gcctacctgc gcgaggactt cttctgggccc ttaccctctg ccgcggggga cttcatccgc 900  
 ttccgcttct tccaacctct aagactggag cggttcttct tccgagtggt gaacatcgag 960  
 caccgggagg acaagctctt caacacgtct gtggaggtgc tgcccttcga caaccctcag 1020  
 55 tcagacaagg aggcctgca ggagggccgc accgccaccc tccggtaccc tcggagcccc 1080  
 gacggctacc tccagatcgg ctcttcttac aaggagtggt cagagggaga ggtggaccca 1140  
 gccttcggcc ctctggaagc actgcgcctc tcgatccaga cggactcccc tgtgtgggtg 1200

attctgagcg agatcttcct gaaaaaggcc gactaagctg cgggcttctg aggggtaccct1260  
 gtggccagcc ctgaagccca catttctggg ggtgtcgtca ctgccgtccc cggagggccal1320  
 gatacggccc cgcccaaagg gttctgcctg gcgtcgggct tgggccggcc tgggggtccgc1380  
 cgctggcccg gagggccctag gagctgggtc tgcccccgcc cgccggggccg cggaggaggc1440  
 5 aggcggcccc cactactgtc ctgaggcccg gaaccgttcg caccgcgcct gccccagtc1500  
 ggccgtttta gaagagcttt tacttgggcg cccgccgtct ctggcgcgaa cactggaatg1560  
 catatactac tttatgtgct gtgtttttta ttcttgata catttgattt tttcacgta1620  
 gtccacatat acttctataa gagcgtgact tgtaataaag ggtaaatgaa gaaaaaaaaa1680  
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 1702

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 802 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

20

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

30

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

35 tttttttttt ttttttttca ttttcaaaag ggcttttatt aaattctccc cacacgatgg 60  
 ctctctgaat ctgccacagc tctggggcgt gtcctgtagg gaaaggccct gttttccctg120  
 aggcggggct gggcttgtcc atgggtccgc ggactggccg tgcttggcgc cctggcgtgt180  
 gtctagctgc ttcttgcccg gcacagagct gcggggtctg ggggcaccgg gagctaagag240  
 caggctcttg tgcaggggtg gaggcctgtc tcttaacoga caccctgagg tgctcctgag300  
 40 atgctgggtc caccctgagt ggcacgggga gcagctgtgg ccggtgctcc ttcctaggcc360  
 agtcctgggg aaactaagct cgggcccttc tttgcaaaga ccgaggatgg ggtgggtgtg420  
 ggggactcat ggggaatggc ctgaggagct acgtgtgaag agggcgccgg tttgttggt480  
 gcaggggcct ggagcgctc tctcctgagc ctcagtctcc ctttcctgt aatgaagaac540  
 atgccgtctc ggtgtctcag ggctattagg acttgccctc aggaagtggc cttggacgag600  
 45 cgtcatgtta tttcacaac tgtcctgcga cgttggcctg ggcacgtcat ggaatggccc660  
 atgtccctct gctgcgtgga cgtcgcggtc gggagtgcgc agccagaggc ggggccagac720  
 gtgcgcctgg gggtagggg aggcgccccg ggagggcctc acaggaagt gggctcccgc780  
 accaccaggc agggcgggct cc 802

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1647 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

```

acccttctc ttttctttt cctttttctt tttctttttt gggtaagggt gacaccccat 60
ttattggaga agacccagc acccgcccc tgaggtctta agggctttgg tgtatccttg 120
20 gtcacgagcg ctgggccagg aagcagagtt cctgagagcc aagtctagt gttgagagag 180
gaccctggct gggcctgggg agcaggaagc catctgtcca gctgggcagc ccccatgggt 240
ccctgggtgca gccccggcca tgtgtccagc gcccatact ccatgagggg ggtctgcacc 300
ccatcacacg ctggttctgc aggtctgcac ccctgtgagg ctgcccctgg ggggcatggg 360
ttctgttggg ctcttgtctc cagcatggat gaccagcga tagcagtcag tgatgcgctt 420
25 gttgggtgca tggggggccac agcgggtgca gtacacgatg cccagtgcac gcaggaccac 480
caaaaagaca cacgttggca ccaggagtgc caccagcagc caccggtcat ccctctggct 540
gtgctcggca agaccagcct ccccagggc tgttggggct gctgtgggag ctggtgaggg 600
cagccacagg gccaacttgg gactggggcc atcttccctt gggatttggg gggctttgga 660
atggggatgt gtagggctga tgggtgaggt ctggttagtg gggctctgag agggcaggag 720
30 ggtggggagg gctgcgggct ggggtggcagc aggcacagag atttgatggg caggagacac 780
aggggacctg gaggtgttg tcagagaggc ctgggcagtt gggataatgg gaagctgggt 840
ggcctgggtt ctgaggacaa gggcatctgg ggcttgaggg ggtcgctggg caccgagggg 900
ggtgaccaga ggggcatggt taggtgggat tccaggcaaa tgagtgggtg tctgggtgcc 960
agcgacccgg gtgtctggaa acatggggga ctggtgggca gggaaagact ccggatattt 1020
35 ggttgagatc atagggggct ggtgggcagg aggtgtgct gaatgagaga cagagagaat 1080
accgggttgg taggcagaag gcagatctgg atagtggct gcgatcacgg ggtctgggtg 1140
gtcacgggac aaagctgggt gtgtggcagg gatcacagga ggctggtggg cagaaggcag 1200
tgtgggatgc gtggcagaga ccaccacagg ccgggtgacg gagagcactg aggagtggta 1260
ggggaccctg ggggcactga gcggggggtg ccaggtgggc tccgggtagg gtatctgtgg 1320
40 ctctctgtcc tctgggaagc tcggtctata ggccagggca aagttagggc gctgcgtagg 1380
ctccatccac aggatcccag gcattctcct ccagccaccg ttgaagcctt ccaggcctcg 1440
tcttcatctt cctcatcctc cccgtcatcc agcaactcat ctccgaggtc ctgggaaccc 1500
tgggcaccca tggcccctgc agggctgcag ctgatgccat cagcctccag ctcatgtccc 1560
tcgctacaat aacactcgaa gccaccaacg tagttgacac acatctgctg gcacacaccg 1620
45 gcaatctggc actcatctgt gtccaca 1647

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50 (A) LÄNGE: 1170 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```

15 cctcgctggc agaagagata gaatcagggc tgccccaca gagtgggacc caaggggcta 60
 attggaggca cgaggggacc cctccccagg gccttttcct cctctgcgtc ttccatctac 120
 tgaaatggga gaggggggtg ggagcttctg ttctggtgaa gggacccggg caggccccc 180
 gcaccccatg ctgacttggga gaacccaga tctctggggc ccagccaggc aggggtgtgg 240
 ggcagctgtg ccaatctacc tcacaggccc acccctgccc gggcatgccg tgggatcatg 300
20 ggcagggag gctctggggg tcggagacac cgctgcttag cacccccagc cagaacaccc 360
 tgagggtctc ggggctctgg agagagtggg gcgggaggaa gaattggcac cttcctagg 420
 aaggagacga gcgcttcgcc ttgattctcc gagaagcctc cgagaagtgc tttagtgtg 480
 tttgcatgcg ccaggcggtg ggcagcgggg gcctgtccag ccctctcccg ccatccttc 540
 ccaagtgcg tccactgcct tgtcaccagc gacctgcctg tcatgccac cccctgagga 600
25 agcatgggga ccctaacacc ctggtgccct gcaccagaca ggccgtggtc aggccaggc 660
 caccggccgg gttctgccac agcttcccac gtgcttgcgt acatgcgtgt gcctgtgtg 720
 ggtgtctgtt gctgtgtcgt gaaactgtga ccatcactca gtccaaacaa gtgagtggc 780
 ctcgaggcca cagttatgca actttcagt tgtgtcataa cgacgtcact gctttttaa 840
 ctgataact ctttatttta gtaaaatgcc caggagtcct ggaagctacg cggacttgca 900
30 gaggttttat tttttggcct tagaatctgc agaaattagg aggcaccgag cccagcgag 960
 cagcctcgga cccggattgc gtttgctta gcgatatgt ttatacagat gaatataaaa1020
 tgtttttttc tttgggcttt ttgcttcttt tttcccccc ttctcacctt cccttctccc1080
 cgacccacc ccccaaaaaa gctactctt cattccgtgg tacgattatt tttttaact1140
 aaaggaagat aaaattctat attcttaaaa 1170

```

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1259 Basenpaare

40

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:23

```

5 ggagtatcca gataggcgac acgcccggcg gcggctgagg cgggaatggc tgctgtactg 60
 cagcgcgtcg agcggctgtc caatcgagtc gtgcgtgtgt tgggctgtaa cccgggtccc 120
 atgaccctcc aaggcaccaa cacctaccta gtggggaccg gcccaggag aatcctcatt 180
 gacactggag aaccagcaat tccagaatac atcagctgtt taaagcaggc tctaactgaa 240
 tttaacacag caatccagga aattgtagtg actcactggc accgagatca ttctggaggc 300
10 ataggagata tttgtaaaag catcaataat gacactacct attgcattaa aaaactccca 360
 cggaatcctc agagagaaga aattatagga aatggagagc aacaatatgt ttatctgaaa 420
 gatggagatg tgattaagac tgagggagcc actctaagag ttctatatac ccctggccac 480
 actgatgac acatggctct actcttagaa gaggaataat ctatcttttc tggagattgc 540
 atcctagggg aaggaacaac ggtatttgaa gacctctatg attatatgaa ctctttaaaa 600
15 gagttattga aaatcaaagc tgatattata tatccaggac atggcccagt aattcataat 660
 gctgaagcta aaattcaaca atacatttct cacagaaata ttcgagagca gcaaattctt 720
 acattatttc gtgagaactt tgagaaatca tttacagtaa tggagcttgt aaaaattatt 780
 tacaagaata ctcttgagaa tttacatgaa atggctaaac ataactctct acttcatttg 840
 aaaaaactag aaaaagaagg aaaaatattt agcaacacag atcctgacaa gaaatggaaa 900
20 gctcatcttt agtttcagat taaagaaagc tttgttttat tttgctttga gagaatggta 960
 tgttttctta actatagggt attttataga gaataaaaa gtataaaaaca ttaaaaaataa1020
 ccctagatat actttaaaat aatggtatat ttatgctaaa atatgtaaat tacactatac1080
 aacctatga taggttattt ctctaacctt gtcttctaac gttttaccaa aaattcataa1140
 tctaatagtt tatcagtttt caatagatta aataaaatga ttactttaaa aataataaaa1200
25 tttatctaata ttaaagttga aaaaattttt ggccgttagt tatctattac tagtgatca 1259

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 40 (A) LÄNGE: 1021 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```

50 gcgttcctcc tccggccctc ggtcaccgcc agcacgcgcc tgcttcccgt ctgcgcgagt 60
 ccacgcagct cccaggccc ttcaccagca cagcagcagc aggcattggc gcaagcgtgg 120
 agcagcgcgga gggcaccatc cagggtgcagg gccaggccct cttcttccga gaggccctgc 180
 ccggcagtgga gcaggctcgc ttctctgtac tgctgctgca tggatttcgc ttctcctccg 240
55 agacctggca gaacctgggt aactgcaca ggctggccca ggctggctac cgggctgtgg 300
 ccattgacct gccaggctcg gggcactcca aggaagcagc agccctgcc cctattgggg 360
 agctggcccc tggcagcttc ctggcggtcg tgggtgatgc cttggagctg ggcccccccg 420

```

```

ttgtgatcag tccatcactg agtggcatgt actccctgcc ctccctcagc gcccttggct 480
cccagctccc gggtttgtg ccagtggccc ccatctgcac tgacaaaatc aatgctgcca 540
actatgccag tgtgaagact ccagctctga ttgtatatgg agaccaggac cccatgggtc 600
agaccagctt tgagcacctg aagcagctgc ccaaccaccg ggtgctgac atgaagggg 660
5 cggggcacc cgtttacctg gacaaaccag aggagtggca tacagggtc ctggacttcc 720
tgcaggggct ccagtgaagc ccagcactgc tgcagggggt gggctgcctg cctgctctga 780
gctctctctt gcacgctctc tcttctctcc caggctctgg ctcatgcaca tgcaacagg 840
gctgctgtct atatgtctgg gttcttgtct tttgtggtct gtttgtcttt tctacctct 900
tctcttgacg tgatagactg agggggtaaa atcaagagga aaaaactctc aggaatcaag 960
10 gaacataatc ctgtggaggg taaaccatta catgaggctt ctcccgggtc gttcaagttt 1020
c 1021

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

## 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1407 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## 25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

```

agcaaaaggtt gccggagacc aagatcgga gctgaaata cgaaggcatc gagttcattt 60
aactgaaaac cggtcaagg agcaaggcca tcaggactca gcttttataa aaacaagagg 120
agtgcacttt tgttttgttt tgttcttttt ggaactgtgc ctgggttgga ggtctggaca 180
40 gggagcccag tcccgggcc catagtgtg cgggcaactg acccccgggc cccacggagg 240
ccgcggtctg aactgctttc catgctgcca tctggtggtg atttcggtca cttcaggcat 300
tgactcaagg cctgcctaac tggctgggtc gtttcttcca tccgacctcg tttcttttct 360
ttctatgtt cttttgttca gtgaatatcc cttagagctc taccatatgt caggccctat 420
gcctcaccct gagaacgcag tgggcatgag gtggacctgt ttgctgggaa cccagggtca 480
45 ccccttttct tctctactct gtgctggag catcatgtcc acccctgcag atccttgga 540
aagaaaatgt ttatgttgca gggattgca tggtcacgag tgagggcagg cccctgggga 600
cacatctgcc cacagctgca caggccagg cgcaggcaca tctgttggtt ctgaggcctc 660
agataaaacc atctcgcgat catatggcca gtgaccgtt tctcccttca agaaaattct 720
gtggctgtgc agtactttga agtttttaatt attaacctgc ttttaattaa gcagtttctt 780
50 ttcttataaa gtggaatcac caaatcttat cacacagagc acagtcctgt agttaccag 840
cccgtccag cagtgcggga gattgtaagg aagcgggtggc ggctggtgaa gcaagtctca 900
catgtcggcg ttcttgcca atggatacaa agataaagaa aatgttgctt tttctagga 960
actgtcagaa atcctcatgc ctttcaagac ttctgtgaat gacttgaatt ttttattccc 1020
tgccataggt ctgtgaacga ggcctgtctc tccctgggg tttctttcca tggcctttat 1080
55 ttctctctt ccagtgagg ttttgcaggc tcttctctgt ggaaacttca cgagcgttgg 1140
ctgggcctcg gcttcgctg agtgtactcc aggggtgaagg cagagtggga tttgagacct 1200
aggttaggca cgaccaggc tgagaaggga cgtttccatc attcacagt ccctccccac 1260

```

```

agcactacct cagccccgagc cccaccctca ctctacccc acccccgcat cgtcaggggt1320
gccacgggtgg gccggagggt gccccgtcgg ggcttggtcc tgttgccggt ccctgaaaaa1380
gcttttcccc ttttgaaatt caagcac 1407

```

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 286 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

```

ctctcggctc cgctggcag cagctccgcc gccagaggc gtccgagacc ctccgactcg 60
tgggtacgca taggcctcgc cagcgagcct tgcccaggca acgagtcgcc agcccgcccc120
ctcgccgcgg gctaggtctc acctcgccac cagtacgtct tggacaagta gtgccaggctc180
tgatgccggg tgtggtgagt gccgccggga cccaggtgcy ccgctcgat gaggtcccgg240
cgtcgctccg gctgcagcac caccctccage tccgcgaagg tcttgc 286

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 815 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

5  
 cgccctcggtt gcaactgggtg ctggacagcc gacgcaacta caaatggggc ggagtttcgg 60  
 cactggagca gctaatttgc atataggaat gagctccac aaacacgaga agttccagca120  
 agttcgccac ttccggttct cctggctatc caatagcatc gagtggagca tccccggaag180  
 tgaggcagcg gaggacgacc tttttccggt tccggcctgg cgagagtgtg tccggcgaca240  
 10 tgaaactgct taccacaat ctgctgagct cgcattgtgc gggggtggg tcccggtgct300  
 tccccctgcg cctccaggcc accgaggtcc gtatctgccc tgtggaattc aaccccaact360  
 tcgtggcgcg tatgatacct aaagtggagt ggtcggcggt cctggaggcg gccgataact420  
 tgcgtctgat ccaggtgccc aaagggccgg ttgagggata tgaggagaat gaggagtttc480  
 tgaggaccat gcaccacctg ctgctggagg tggaaagtgt agagggcacc ctgcagtgcc540  
 15 cggaatctgg acgtatgttc cccatcagcc gcgggatccc caacatgctg ctgagtgaag600  
 aggaaactga gaggttgattg tgccaggcgc cagtttttct tgttatgact gtgtattttt660  
 gttgatctat accctgtttc cgaattctgc cgtgtgtatc cccaaccctt gacccaatga720  
 caccaaaacac agtggttttg agctcggtat tatatatatt tttctcatta aaggttttaa780  
 accaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaagt cgacg 815

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 548 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

45 tttctcgaac cttctctttt ctttctttt tgcaactgtgc aaatatattg actttatttg 60  
 tctcctttca ggagcctcac agacatatcc aggtaaaaag atcgtaaataaatgccttc120  
 agccatcgca atgcaaaaat aaatatcaat cctccagacg cagtagcagc cgcgctgcgc180  
 ccaaagtccc aacggccacg cctaacaatt ataaaagtgt tcagcgagag tgttggcgtg240  
 agtgtgaatg ggtgtgcgct ggggggcacg gtggagcggt gtgcaaaatc ggagttgcaa300  
 50 accatcgac aaggcgatgg agtggctacc cgccgcccgc tcagcgcggg cgcgcctccc360  
 cgacacacact cacagcagag ttgcactgg gaagagttaa aaaataaaca ttacaagga420  
 cgaggaaaagc ggccccgctc ccggcgctcc cgggccaggc cgagcgcggc gaggggcgca480  
 ccgaccggtt cgcagcgggg cgggagtcgc aagcgcgcca ggagcgggcg gtccccgggtc540  
 cttgcggg 548

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 493 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

```

gcaagatggc tgccctgaca gcggagattt tgcagcactc cagagcctgc tcaaggcctc 60
ctcgaaaagat gttgtcagac agctgtgtca agaaagcttt tccagttcag cccttggtt120
gaaaaaactc ttggatgta catgttccag cttgtctgtg acccaggagg aggcagagga180
actgctccag gctctgcacc gcctcactag gctggtggca ttccgtgacc tgcctctgc240
cgaggcaatt ctggctctct ttccagaaaa ttccaccaa aacctcaaaa acctgctgac300
aaagatcatc ctagaacatg tgttacttg gagaaccgaa gcccaggcaa atcagatctc360
tctgccacgc ctggtcgatc tggactggag agtggatata aaaacctcct cagacagcat420
cagccgcatg gccgttgccc cacctggcct ggttccagat ggaaggttcc aaggaggttc480
ccaggctatg ggg 493

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1063 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

```

5 cgccctcccc tccaactctc aaccacttcc tccagccagc gccccagccc tcccgcgcgc 60
 cgctcgcagg tcccaggagg cgcagactgt gtccctgaca atgggaacag ccgacagtga 120
 tgagatggcc ccggaggccc cacagcacac ccacatcgat gtgcacatcc accaggagtc 180
 tgccctggcc aagctcctgc tcacctgctg ctctgcctg cgccccggg ccaccaggc 240
 caggggcagc agccggctgc tgggtggcctc gtgggtgatg cagatcgctc tggggatctt 300
10 gagtgcagtc ctaggaggat ttttctacat ccgcgactac accctcctcg tcacctcggg 360
 agctgccatc tggacagggg ctgtggctgt gctggctgga gctgctgcct tcatttacga 420
 gaaacggggt ggtacatact gggccctgct gaggactctg ctagcgctgg cagctttctc 480
 cacagccatc gctgccctca aactttggaa tgaagatttc cgatatggct actcttatta 540
 caacagtgc tgcgcctct ccagctcgag tgactggaac actccagccc ccactcagag 600
15 tccagaagaa gtcagaaggc tacacctatg tacctccttc atggacatgc tgaaggcctt 660
 gtccagaacc ctccaggcca tgctcttggg tgtctggatt ctgctgcttc tggcatctct 720
 ggccccctctg tggctgtact gctggagaat gttcccaacc aaagggaata gagaccagaa 780
 ggaaatgttg gaagtgagtg gaatctagcc atgcctctcc tgattattag tgcctggtgc 840
 ttctgcaccg ggcgtccctg catctgactg ctggaagaag aaccagactg aggaaaagag 900
20 gctcttcaac agcccagtt atcctggccc catgaccgtg gccacagccc tgctccagca 960
 gcaattgccc attccttaca cccttccccc atcctgctcc gcttcatgtc cctcctgag 1020
 tagtcatgtg ataataaact ctcatgttat tgttcccaaa aaa 1063

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

25

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 472 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

```

 cggtcgcagg cggcgcgatg gcggcggggc tggcgcggct cctgttgetc ctcgggctct 60
 cgcccgggcg gcccgcgcgc gcaggtgcag cgaagatgaa ggtgggtggg gagcccaacg 120
50 cgtttggggg gaacaaccgc ttcttgccctc aggcagctcg cctccaggcc aagagggatc 180
 cttcaccctg gtctggaccc gtgcatctct tccgactctc gggcaagtgc ttcagcctgg 240
 tggagtccac gtacaagtat gagttctgcc cgttccacaa cgtgaccag cagcagcaga 300
 ccttccgctg gaacgcctac agtgggatcc tcggcatctg gcacgagtgg gagatcgcca 360
 acaacacctt cacgggcatg tggatgaggg acggtgacga ctgccgttcc cggagccggc 420
55 agagcaaggt ggagctggcg tgtgcgagcc cgagcaactg cgtctaaggg gt 472

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2568 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

```

25 catctctctg cagtgccttc ctgcctgtg cagcccgcc acccacaggc tcacccctcc 60
 tgcgggctgc cagaagcccc ctccagcagg gcctctctcc gtggccccag cttcactctc 120
 tccctcagca catgccctgc tggaggcccc agccctccgt ggacagcagg ggccacgtgg 180
 agcccgggcc gctcaccgac gaccagtgct tggccgctt cttggtgcca aacccccctc 240
 cccacccagg agactgggca gctgtgtctg gtctgttctt tgcactaacc acatttgtca 300
30 tctctagggc aggtgtgggc tgcgggctga gggggaccgc tggcaccccc cttccctccc 360
 ttcttggttc catttccatc catgacaggt acagcatccc aggagcccgg cctgaggggc 420
 tggaccgcag ccggctgtga acatccctca gccctgctg tcccccttg ggactaacca 480
 ctaacctcac cccaaactc caggggtgcc ctagctggc ccagagccgg cagtgtgagc 540
 ccaagtccgg gctggagccg aggcgggagc agctgtctgg gactcaaggc tgcagtagcg 600
35 tttcttcatg ggtgtctcca ggggtgcca cagaccgaca ggacgcca aaaggcctgg 660
 accctcccc aggcaggtgc tgcaccgaga ggactgtcct cgggaatgaa cctcccgccg 720
 gctttggact gaggtccctg tggcctcggt ctctcccca tgaagtggga gcgaggctcc 780
 ccaatggtgc ttttggcttt agtgtacgat gttgtctgtg cttcccgccg tggagggcag 840
 agccacccca catcaggatc ggacgtgcta cccctcccg tccccgccct ggcccagcca 900
40 gcccagccct cgaggctcga tgcctgtgcc aaggccagg gcagccagag ggcagctgga 960
 tggccacgtg caggggtcaa ggctgggccc tgcagtggg cgggcccga gccccagcag 1020
 ttacagacg catggctctt cctcccagag cagccggcag ctacctggac cggaaatgtc 1080
 ctcatccct cctggggcc aggtctctgc ctggccttc tctgtgaacc cctcctttct 1140
 ttgtgctggt gtctgggacc aaaaagggg aatatgggag ggcagagtgg ggaggggagt 1200
45 ccatgggccc ggggccccaa gccggggcgt ctgagctccc caggcatgac caaacctcag 1260
 tggaggggccc tctgttccag gcccgcctg gctgacattc tgagcccccc tcggaggccc 1320
 cgccacagcc aacctgcccc gtctttcctc tgggcttgac ccgccaggga gttctccagg 1380
 cctagggcca ggagagaggc cctggcacc tggcgtgggt gcccgcaca cgcctgcca 1440
 ccgctcagaa gcacaaatgc tgtccatggc cgtgaggctg cctgccagg gaatggacat 1500
50 agcgtgagag gcggtgaggc cagggcttcc agcctcgtgc tgtctcggga ctctgaccg 1560
 tgggtgtcgt gtgtgcccg ctgtgacttt ctactacca aggttgaaga aaggaaacgg 1620
 ggaaaatcaa aaggggttca aacccacct cagtaggtgg aggggagcgc ctgccattgg 1680
 ttgtattttt gttctgagtt ttcggtgcg gtctcctaac tactccatcc catgacctcg 1740
 ccacacctac tgggcatct ggctgggtgc tgcctccat gccagcccc actctacccc 1800
55 tgcacagggg gtcttgagc cccagggccc acagcctcgt tgggaggaca ggggtggcct 1860
 ggggacaaga gggaggagcc caggggctta cctcactgag agtgctcccc agcaggcatc 1920
 cactacccca gggcccccca catgtcatgg caaggttgg agtgaatgg cctggttggg 1980
 agcagccctt gggccattgc ccaaccaccc atctcactat gcaattcgag ttccaagcaa 2040

```

catttgctcc tgccttggg ccagctctgc ccagccctg agaggggtgg tgaggcagcc2100  
 ccctggacc cagaacccca gacaaggggg caggcgggg accagggcct ctctgtggg2160  
 atctttgttt tgtgtttaac cataatggtt gtgtactgaa ccacttcata ttgtttatat2220  
 ataatatata tatatataat ctccctaaga ctcagcctcc tggtttacc ccccgccctg2280  
 5 ggcactctgac ctccccacc ccagtgtgat ttaacatcca ggaactgagg cctgaaccat2340  
 tttgcatttc cccctcctcc agcctctgta gggccatggc tgtatgtact gtgctgtgt2400  
 ttttttgttt ttttagaact gggtttggg gctgattttt atttctttgg gggctttttt2460  
 tcttgcaaaa tactaaaaat ctcgtcaatg taatttctgt ggtttctatt cagcttgggt2520  
 ttcattgtttt aaaataaatt ttaaaaagca aaaaaaaaa aaaaaaaa 2568

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 239 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

35 cgcgatggcg gcggggctgg cgcggtcct gttgctctc gggctctcg ccggcgggcc 60  
 cgcgccggca ggtgcagcga agatgaaggt ggtggaggag cccaacgcgt ttgggtgagc120  
 agcctcgcg gctggcggt cgagcggggg acggcccggg cccgttcccc gctgaccttg180  
 ccgcttcccg taggtggaac aaccgttct tgcctcaggc cagtcgcctc caggccaag 239

## 40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 482 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

```

10 ctccaagctt ggcctggcca acactcggta ggcagaatga tcacctccgt tgtttcaggt 60
 actctgtgtt tatttatgca acagttcatg taaaatggag acgaggccag aagaatcctt120
 gagcagacag agccagttgg gcctcctaag tgaccttaac cttgcttgat ttgcaagcat180
 gtctgaaact ttatttgtgg tatttcttgt aaatgcctat gttaaagaaa cacagaactt240
 aagctcaacc aatcagaagc agccaacaaa aacgtaatta gtaactagga cttcctcatg300
15 ggatagacca aataaggcaa ctgtataact gtgtaactgt ataactgtaa ccaatgaaat360
 attatctttg cttttatcta tttgtcctaa aaagcctcct cctcatgttc tctctgggga420
 gctccctagc cacttctgga tcactgctca aataaactct taaatatttt aaaaaaaaaa480
 aa 482

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 641 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 25 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

```

45 gagagcagta ggtgtagca gcttggtcgc gacaggggag ctaggtagag cgccgggacc 60
 tgtgacaggg ctggtagcag cgcagaggaa aggcggcctt tagccaggta tttcagtgtc120
 tgtagacaag atggaatcat ctccatttaa tagacggcaa tggacctcac tatcattgag180
 ggtaacagcc aaagaacttt ctcttgtcaa caagaacaag tcacgggcta ttgtggaaat240
 attctccaag taccagaaag cagctgaaga aacaaacatg gagaagaaga gaagtaaacac300
 cgaaaatctc tccagcact ttagaaaggg gaccctgact gtgttaaaga agaagtggga360
50 gaaccaggg ctgggagcag agtctcacac agactctcta cggaacagca gcactgagat420
 taggcacaga gcagaccatc ctctgtctga agtgacaagc cacgctgctt ctggagccaa480
 agctgaccaa gaagaacaaa tccaccccag atctagactc aggtcacctc ctgaagccct540
 cggtcagggt cgatatcccc acatcaagga cggtaggat cttaaagacc actcaacaga600
 aagtaaaaaa atggaaaatt gtctaggaga atccaggcat g 641
55

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 381 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

```

25 aagttgatga cctacgctct tactttctgct tgccaggagt aactgaaagc aaacaccaca 60
 gtctgttggt tattagcttt taaaggcttg tcaacattcc ttgttaacaa tttctttttg120
 ggtagccttt tataaaatgc gtaggtgatg agtgatccag cagacaaggc ggctcgagcc180
 gattcggctc gagcggctcg aggtaaaaga aaaaaaaatg tggaggaaaa catggcctac240
 tcagctttga tggaaagtggc tggttactgc ttaatagaga gaatgctttg gaatcctatg300
30 ttgaaaataa aaagtgtttg gttgtgcagt tatgcgggtca tggtcattcc cagacagttg360
 gctaaggttt agtggtcctc t 381

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1539 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

```

5 ctggggacag gaagcccctg taccattatg gtcggggcat gaatcccgtc gacaaaccag 60
 cctggggccc agaggtaaaa gagagaacaa ggatgaacaa gcagcagaac tctcccttgg 120
 ccaagagcaa gccaggcagc acggggcctg agccccccag cccccaggcc tccccagggc 180
 ccccaggcct cccctgggcc cccaaaccct accacaaatt catggccttc aagtcctttg 240
 ccgacctccc ccaccgccct ctgctggtcg acctgacagt agaggagggg cagcggctca 300
 aggtcatcta tggtccagt gctggcttcc atgctgtgga tgtcgactcg gggaacagct 360
10 atgacatcta catccctgtg cacatccaga gccagatcac gccccatgcc atcatcttcc 420
 tccccaacac cgacggcatg gagatgtgct tgtgtacga ggacgagggt gtctacgtca 480
 acacgtacgg cgcacatcatt aaggatgtgg tgctgcagt gggggagatg cctacttctg 540
 tggcctacat ctgctccaac cagataatgg gctggggatg gaaagccatt gagatccgct 600
 ctgtggagac gggccacctc gacggggtct tcatgcacaa acgagctcag aggctcaagt 660
15 tctgtgtgta gcggaatgac aagggtgttt ttgcctcagt ccgctctggg ggcagcagcc 720
 aagtttactt catgactctg aaccgtaact gcatcatgaa ctggtgacgg gccctgggc 780
 tggggctgtc ccacactgga cccagctctc cccctgcagc caggcttccc gggccgcccc 840
 tctttcccct ccttgggctt ttgcttttac tggtttgatt tcaactggagc ctgctgggaa 900
 cgtgacctct gaccctgat gctttcgtga tcacgtgacc atcctcttcc ccaacatgtc 960
20 ctcttcccaa aactgtgcct gtccccagct tctggggagg gacacagctt ccccttccca1020
 ggaattgagt gggcctagcc cctccccctt tttctccatt tgagaggaga gtgcttgggg1080
 cttgaacccc ttacccact gctgctgact gggcaggggc ctggacccct ttatttgcac1140
 gtcaggggag ccggtcccc ccttgaatgt accagaccct ggggggggtc actgggccct1200
 agatttttgg ggggtcacca gccactccag gggcagggac catttcttca ttttctgaaa1260
25 gcactttaat gattcccctg cccccaaact ccagggaatg gaggggggag cccgccagcc1320
 aaaacatgcc cccattccg gacccccctc tctcttcta gccatgccc ttccccgggt1380
 gagggaggga gcaggagacc ctcaactctc acgccccttg cttgcatccg catatagtgt1440
 gagcagcaag taacccttct cctccttccc cagtcacccc tcctcaatgt agtggccttg1500
 aattgtcttt attaacaac aggatatcca aggtcgagc 1539
30

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 2195 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

```

55 gctccgagga aggcctgtgg gagtctcgga gacgtgtctg tctgtgaggc gctgggtgca 60
 cgtccccagg gctctgggct aggaaggcag cggcgagggt cctccccacg taccctcgc 120
 gggccccagg gagcaacgtg gggcgaaggc ggcgcgaag gcccgggctg ggagcgttgg 180

```

```

cggccggagt cccagccatg gcggagtctg tggagcgcct gcagcagcgg gtccaggagc 240
tggagcggga acttgcccag gagaggagtc tgcaaggccc gaggagcggc gacggagggg 300
gcggccgggt ccgcacgcag aagatgagct cagagggtgt ggattcgaat ccctacagcc 360
gcttgatggc attgaaacga atgggaattg taagcgacta tgagaaaatc cgtacctttg 420
5 ccgtagcaat agtaggtgtt ggtggagtag gtatgtgtgac tgctgaaatg ctgacaagat 480
gtggcattgg taagttgcta ctctttgatt atgacaagggt ggaactagcc aatatgaata 540
gacttttctt ccaacctcat caagcaggat taagttaaagt tcaagcagca gaacatactc 600
tgaggaacat taatcctgat gttctttttg aagtacacaa ctataatata accacagtgg 660
aaaactttca acatttcatg gatagaataa gtaatggtgg gttagaagaa ggaaaacctg 720
10 ttgatctagt tcttagctgt gtggacaatt ttgaagctcg aatgacaata aatacagctt 780
gtaatgaact tggacaaaca tggatggaat ctggggtcag tgaaaatgca gtttcagggc 840
atatacagct tataattcct ggagaatctg cttgttttgc gtgtgtctca ccacttgtag 900
ttgctgcaaa tattgatgaa aagactctga aacgagaagg tgtttgtgca gccagctctc 960
ctaccactat ggggtgtggt gctgggatct tagtacaata cgtgttaaag tttctgttaa1020
15 attttggtag tgttagtttt taccttggat acaatgcaat gcaggatttt tttcctacta1080
tgtccatgaa gccaaatcct cagtgtgatg acagaaattg caggaagcag caggaggaat1140
ataagaaaaa ggtagcagca ctgcctaaac aagaggttat acaagaagag gaagagataa1200
tccatgaaga taatgaatgg ggtattgagc tggatatctg ggtttcagaa gaggaactga1260
aaaatttttc aggtccagtt ccagacttac ctgaaggaat tacagtggca tacacaattc1320
20 caaaaaagca agaagattct gtcactgagt taacagtgga agattctggt gaaagcttgg1380
aagacctcat ggccaaaatg aagaatatgt agataatgga ctgggatata ttgtatttct1440
catgttaaag cctcttccct tgaaattaaa aaaaaatttt aactgataaa acttagggca1500
acattaatta atgtatatct ttacctgaat tgttatactt tttgaaaatc ctgtgacttg1560
cctgtttctc ccgctccaa cgaaatcatt aactctccta aaatgtggtt cattctagta1620
25 agaaaacctc aaaggatatt gtaggatata aatcttactt gaaaacatag ctgttgaaat1680
gttttggcct tttggagtgg gggaaggaca aatctgatcc tgtaatcttt ttctttccag1740
taatcccttg tgtctgttgc atgaggacat ggacaataaa gtagtatatg atcctcagat1800
acagggagaa ggacaaggca tacagcttat tgattagagc tggcaagcat ctgctcatta1860
tgtttggaat tgctttctat aagaaaattg ccactacta ctaacttgat caacaatgaa1920
30 ttcaaaatag ttaacctatg aaataacatc ctctcaaag tttgctgatg aagtacaagt1980
tgaaatgtag ttattggaaa agtctgtaac ctgtggatca tatatattca aagtggagaca2040
aaggcaata aaaagcagct attttcatga atagaaaaaa aaaaaatttc aggaagtata2100
aattatattc tgcaccgaac aaggaacaga aattattgca tctgtggaag catatatctg2160
ggagttacta ttactttact ggaagggcca agggc 2195

```

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1409 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

40

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

```

5 gtttgctgtc cttttttaa ggattccaag ccatgtgaaa ttcccttctg gatgtgattc 60
 tgggtcgcaa gtccttattt atatgtgagg ctggggaatg ggctgggggt attggcagtc 120
 cttttgcagg gcagtgtgtg tgggtggggtg acaccgctgt ggcttagccc aagacactcc 180
 cagaggaaaa cactgcagaa ggaactggtt tgcagactgt ggaaggatct gcagttttgt 240
 ttttgaccaa aaaaataata ataagttagc tctgaagggc agagggaata cccaagcccc 300
 tgatgcctat gagaagtccc tggacttcaa ccctcctgtt gtttggcctt agccagagg 360
 gagctgctca cctgagcacc cttgggggtg ggagagagg cagggtggga ttttagagtt 420
10 agtgtctgtg cgggggcagc cctgagcctg gacttgagac tttgggtctt cttagtttgg 480
 aggtgttgag tgcatttgtg ccctgcctg gttgagagct tcttggtacc tcttgccacc 540
 ccttctcact gcctgaccc aacccactg gaccttgatg ctgagaggag tgggtgtcctg 600
 acggactcag cactcccgcc tgatgtattg gatcatagga gagcacttgc tctcctgcct 660
 ctgccaggag agggcttggt cctccaactc taggaggcca ggcaagcatg gacaggagcc 720
15 aagggagcag ggtcattaac tttttcttct ttgcaaagtg ggcacttggc atcagggtcc 780
 caatcaccaag aaagcaccaa agccctggc acccaccca ctccatccta cccagggacc 840
 ccaagtaggc aactgttatg gcagtgggtc cagcccaggc cagcactgcc agcctcctct 900
 ccctgcagta ggcaccagct ctacctccc cggcaggcaa tgtcctggct tctcagccca 960
 gcaccatctg ttcccctaga cttctcaggg gccagcccag tctgggccac cctttgtttc1020
20 cctcatcctc ggctcccaca caggtgacag acccagcaga tagcttctct ctgggaaaagg1080
 ttggatgtcg ccttacatcc cttctagacc ctctcccat ccacacacac aggcacccac1140
 ccacaccagg tcggttggtt tctcacatgt agggagagag gggagaccaa cccctttgtg1200
 tcttttgaat tacgaagaaa aatgtgtgtt caggagcatg actccagtgc tgcgctcttg1260
 ggccatgttc agtctgtctt gtctcaaatc taggcatttt tgcttcaatt ttattttttt1320
25 taaaacattt ttttgggtgt ccggttggtt ttggaataat ttggctaaca ttggtaaaag1380
 gtaaggggggt taaaatataa ggtaatttt 1409

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1084 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```

50 ggaatcttta agcaatcata cggggaaaaa gggcccatca ccttcaaagg agccacaatt 60
 agactcctca acagacatga ttgaggctgg aagataaggg aatggtatct tcttcaaagc 120
 cgaaagaata ggaccacacc tgccaggatt tgggtgttta aatataaatc tgatcacccc 180
55 cctgcttaga acccttctgc tttctattac ccctcattta aaatgtaaac tcttcacctt 240
 ggtttatgag aactggttct tgccctcccc ttgaacctca ttaaatggtg atttcttgc 300
 aagctccagc ccgagtggtc tctctcagc ttctaatttt gtgctctttc ctgccctttt 360

```

```

cctgggcctt ctcagctctc cacccccacc actcttgact caggtgggtgt ccttcttccct 420
caagtcttga caattcccgg gcccttcagt ccctgagcag tctacttctg tgtctgtcac 480
cacatcttgt cttttcccct cattgcattt attgcagttt atatatatgc tacttttact 540
tgttcatttc tgtctcccct accaggctgt aaatgagggc agaaaccttg tttgttttat 600
5 tcaccatcat gtaccaagtg cttggcacat agtgggcctt cattaaatgt ttgttgaata 660
aaagagggaa gaaggcaagc caaccttagc tacaatccta ccttttgata aaatgttcct 720
tttgacaata tacacggatt attatttgta ctttgttttt ccatgtgttt tgcttttatc 780
cactggcatt tttagctcct tgaagacata tcatgtgtga gataacttcc ttcacatctc 840
ccatgggtccc tagcaaaatg ctaggcctgt agtagtcaag gtgctcaata aatatttggt 900
10 tgggtgggtt gtgagccttg ctgccaaagtc ctgcctttgg gtcgacatag tatggaagta 960
tttgagagag agaacctttc cactcccact gccaggattt tgtattgcca tcgggtgcca1020
aataaatgct catattttatt aaacaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1080
aaaa 1084

```

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2860 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

```

tcctggetga ttcttttccct ggcagttccc cttatgaggg ttacaactat ggctcctttg 60
40 agaatgtttc tggatctacc gatggtctgg ttgacagcgc tggcactggg gacctctctg 120
acggttacca gggccgctcc tttgaaccgg taggtactcg gccccgagtg gactccatga 180
gctctgtgga ggaggatgac tacgacacat tgaccgacat cgattccgac aagaatgtca 240
ttcgcaccaa gcaatacctc tatgtggctg acctggcacg gaaggacaag cgtgttctgc 300
ggaaaaagta ccagatctac ttctggaaca ttgccaccat tgctgtcttc tatgcccttc 360
45 ctgtggtgca gctggtgatc acctaccaga cgggtggtgaa tgtcacaggg aatcaggaca 420
tctgtacta caacttcctc tgcgcccacc cactgggcaa tctcagcgcc ttcaacaaca 480
tcctcagcaa cctggggtac atcctgctgg ggcgtctttt cctgctcatc atcctgcaac 540
gggagatcaa ccacaaccgg gccctgctgc gcaatgacct ctgtgccctg gaatgtggga 600
tccccaaaca ctttgggctt ttctacgcca tgggcacagc cctgatgatg gaggggctgc 660
50 tcagtgtctg cgtatcatgt tgccccaaat ataccaattt ccagtttgac acatcgttca 720
tgtacatgat cgccggactc tgcattctga agctctacca gaagcggcac ccggacatca 780
acgccagcgc ctacagtgcc tacgcctgcc tggccattgt catcttcttc tctgtgctgg 840
gcgtgggtctt tggcaaaagg aacacggcgt tctggatcgt cttctccatc attcacatca 900
tcgccacctc gctcctcagc acgcagctct attacatggg ccggtggaaa ctggactcgg 960
55 cgatcttccg ccgcatcctc cacgtgctct acacagactg catccggcag tgcagcgggc1020
cgctctacgt ggaccgcatg gtgctgctgg tcatgggcaa cgtcatcaac tggctcgtgg1080
ctgcctatgg gcttatcatg cgccccaatg atttcgcttc ctacttggtg gccattggca1140

```

```

tctgcaacct gctcctttac ttgcctttct acatcatcat gaagctccgg agtggggaga1200
ggatcaagct catccccctg ctctgcatcg tttgcacctc cgtggctctgg ggcttcgcgcl260
tcttcttctt cttccaggga ctcagcacct ggcagaaaac ccctgcagag tcgagggagc1320
acaaccggga ctgcatcctc ctcgacttct ttgacgacca cgacatctgg cacttcctct1380
5 cctccatcgc catgttcggg tccttcctgg tgttgctgac actggatgac gacctggata1440
ctgtgcagcg ggacaagatc tatgtcttct agcaggagct gggcccttgg cttcacctca1500
aggggccctg agctcctttg tgtcatagac cggtcactct gtcgtgctgt ggggatgagt1560
cccagcaccg ctgcccagca ctggatggca gcaggacagc caggtctagc ttaggcttgg1620
cctgggacag ccatgggggtg gcatggaacc ttgcagctgc cctctgccga ggagcaggcc1680
10 tgcctcccctg ggacccccag atgttggcca aattgctgct ttcttctcag tgttggggcc1740
ttccatgggc ccctgtcctt tggctctcca tttgtccctt tgcaagagga aggatggaag1800
ggacaccttc cccatttcat gccttgcatt ttgcccgtcc tcctccccac aatgccccag1860
cctgggacct aaggcctctt tttcctccca tactccact ccagggccta gtctggggcc1920
tgaatctctg tcctgtatca gggccccagt tctctttggg ctgtccctgg ctgccatcac1980
15 tgccatttcc agtcagccag gatgatggg ggtatgagat tttgggggtt ggccagctgg2040
tgccagactt ttggtgctaa ggcctgcaag gggcctgggg cagtgcgtat tctcttccct2100
ctgacctgtg ctcagggtg gctcttttagc aatgcgctca gcccaatttg agaaccgcct2160
tctgattcaa gaggtgaat tcagagggtca cctcttcac ccatcagctc ccagactgat2220
gccagcacca ggactggagg gagaagcgcc tcaccccttc ccttccttct ttccaggccc2280
20 ttagtcttgc caaaccccag ctggtggcct ttcagtgccca ttgacactgc ccaagaatgt2340
ccaggggcaa aggagggatg atacagagtt cagcccgttc tgcctccata gctgtgggca2400
ccccagtgcc taccttagaa aggggcttca ggaagggatg tgctgtttcc ctctactgtc2460
ccagtcctag cctcgctcta ggacccaggg ctggcttcta agtttccgtc cagtcttcag2520
25 gcaagtctcg tgttagtcat gcacacacat acctatgaaa ccttgagatt tacaaagaat2580
tgccccagct ctgggcaccc tgccacacct ggctcttggg tccccttcgt cccacctggt2640
ccacccagca tgctgaggat gggggagctc aggcggggcc tctgctttgg ggatgggaat2700
gtgtttttct cccaaacttg tttttatagc tctgcttgaa gggctgggag atgaggtggg2760
tctggatctt ttctcagagc gtctccatgc tatggttgca tttccgtttt ctatgaatga2820
at ttgcattc aataaacaac cagactcaga taaaaaaaaa 2860
30

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 2137 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung 40 hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- 45 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

```

55 gtccgctttc gtctccgtcc tgctgcggtt accgcgctg ctgcgcgcgc ttgcgtcccc 60
cgctccggtc tgtggtgcag ccgggaccca ggaccatgtc tctgtctcgc tcagaggaga 120
tgacccggct caccgaaaat gtctataaga ccatcatgga gcagttcaac ctagcctcc 180

```

```

5 ggaacttcat cgccatgggg aagaattacg agaaggcact ggcaggtgtg acgtatgcag 240
 ccaaaggcta ctttgacgcc ctggtgaaga tgggggagct ggccagcgag agccagggct 300
 ccaaagaact cggagacgtt ctcttccaga tggctgaagt ccacaggcag atccagaatc 360
 agctggaaga aatgtgaag tcttttcaca acgagctgct tacgcagctg gagcagaagg 420
10 tggagctgga ctccagggtat ctgagtgtct cgctgaagaa ataccagact gagcaaagga 480
 gcaaaggcga cgccctggac aagtgtcagg ctgagctgaa gaagcttcgg aagaagagcc 540
 agggcagcaa gaatcctcag aagtactcgg acaaggagct gcagtacatc gacgccatca 600
 gcaacaagca gggcgagctg gagaattacg tgtccgacgg ctacaagacc gcaactgacag 660
 aggagcgtag ggcgttctgc ttcttggtgg agaagcagtg cgccgtggcc aagaactccg 720
10 cggcctacca ctccaagggc aaggagctgc tggcgagaa gctgccgctg tggcaacagg 780
 cctgtgccga ccccgcaag atcccggagc gcgcggtgca gctcatgcag cagggtggca 840
 gcaacggcgc caccctcccc agcgccctgt cgccctccaa gtccaacctg gtcatttccg 900
 accccattcc gggggccaag cccctgccgg tgccccccga gctggcaccg ttcgtggggc 960
 ggatgtctgc ccaggagagc acaccatca tgaacggcgt cacaggcccg gatggcgagg 1020
15 actacagccc gtgggctgac cgcaaggctg cccagcccaa atccctgtct cctccgcagt 1080
 ctcagagcaa gctcagcgac tcctactcca acacactccc cgtgcgcaag agcgtgacct 1140
 caaaaaacag ctatgccacc accgagaaca agactctgcc tcgctcgagc tccatggcag 1200
 ccggcctgga ggcgaatggc cgtatgcggg tgaaggccat cttctccac gctgctggg 1260
20 acaacagcac cctctgagc ttcaaggagg gtgacctcat taccctgtg gtgctgagg 1320
 ccgcgcatgg ctggcactac ggagagagtg agaagaccaa gatgcggggc tggtttccct 1380
 tctcctacac ccgggtcttg gacagcgatg gcagtgcag gctgcacat agcctgcagc 1440
 aagggaagag cagcagcacg ggcaacctcc tggacaagga cgacctggcc atcccacccc 1500
 ccgattacgg cgccgctcc cgggccttcc ccgccagac ggccagcggc ttcaagcaga 1560
 ggccctacag tgtggccgtg cccgccttct cccagggcct ggatgactat ggagcgcggt 1620
25 ccagtagcag cgccgatgtg gaagtggcca gattctgagc cgctgacta gagttagaat 1680
 ccctttgccc acgtccagct gaagccgaca gtgaccaacg acaggtctgc cccctcctc 1740
 agctgatggc cacatctgca gtgctgcccc tctggtggct tccccgccc tcccatgta 1800
 gcctgttctg tcactatctg tgcgttctct tgtagagaac atccaggccc cgctgcctg 1860
 gtcttgcccc acttgagtct ggcctggact ggatcccagc tgttctaggc agggccgggc 1920
30 agagtggggc gcaggcccct gaaggcgag acccagtgcc tgggctgccc agggctgagg 1980
 ggccgcctct tgagggtaca cgcctctggt cacatggcca tggagccttg ggtacccctg 2040
 agttaaggga ggacatttg ccagctggtg gctgggagg gagcctggct gccctgctgc 2100
 ttctcctgcc taataaacag gcttctcctg caaaaaa 2137

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 2410 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

```

5 ttgagcagac acaggtgcag gcagtgggtga ctctacaggc cctgctattc cgggcccttt 60
 tgcaacgttg tggcaacaat aaaattttga cgtagccatc ctccatttgg aagtctggtg 120
 gctgggtttgc cgtggaaatg accctgtttt tatttccaga attacctctg gggttagaga 180
 agtgggtttt aaacgagtggt gggtaaaaaa aattacctga ggtacttgtc agagtcgcag 240
 acttctaggt cccaccagc tctcatcaat cagtttagtg aggggtggtg ccaggactct 300
 gattttaaac ataccctag aaagattctg atacaggtag aggtgagaag ccctggttta 360
 gaggcagctc ggcctccctt catggtggga ccagggccag cagggaatgt cagggccacc 420
 cctgaccttc actgtgactt ctggcttgca gaggggtggc cgggaggaga tgggtgggag 480
10 agctcaacag cgggaaggtg atgtacgcct tctgcagagt gaaggacccc aactctggac 540
 tgcccaaatt tgtcctcatc aactggacag gcgagggcgt gaacgatgtg cggaagggag 600
 cctgtgccag ccacgtcagc accatggcca gcttctgaa gggggcccat gtgaccatca 660
 acgcacgggc cgaggaggat gtggagcctg agtgcacat ggagaaggtg gccaaaggct 720
 caggtgccaa ctacagctt cacaaggaga gtggccgctt ccaggacgtg ggaccccagg 780
15 cccagtggtg ctctgtgtac cagaagacca atgccgtgtc tgagattaaa agggttggt 840
 aagacagctt ctgggcaaaa gcagagaagg agggaggaa ccgtcggctg gaggaaaagc 900
 ggccgggcca ggaggcacag cggcagtga gcaggagcgc cgggagcgtg agtgcgtag 960
 gctgcacgcc gggagcagcg ctatcaggag caggggtggc aggccagccc ccagaggacg 1020
 tgggagcagc agcaagaagt ggtttcaagg aaccgaaatg agcaggagtc tgcctgca 1080
20 ccgagggaga ttttcaagca gaaggagagg gccatgtcca ccacctccat ctccagctt 1140
 cagcctggca agctgaggag ccccttctct cagaagcagc tcaccaacc agagaccac 1200
 tttggcagag agccagctgc tgccatctca aggccaggg cagatctccc tgctgaggag 1260
 ccggcgccca gcactctctc atgtctggtg caggcagaag aggaggctgt gtatgaggaa 1320
 cctccagagc agggagacct ctacgagcag cccccactgg tgacgagca aggtgctgg 1380
25 tctgagcaca ttgaccacca cattcagggc caggggctca gtgggcaagg gctctgtgcc 1440
 cgtgccctgt acgactacca ggcagccgac gacacagaga tctccttga ccccgagaa 1500
 ctcatcacgg gcactcaggt gatcgacgaa ggctgggtgg gtggctatgg gccgatggc 1560
 cattttggca ttgtccctgc caactacgtg gagctcatt agtgaggctg agggcacatc 1620
 ttgccccttc cctctcagac atggcttctt tattgtgga agaggaggcc tgggagttga 1680
30 cattcagcac tcttccagga ataggacccc cagtgggat gaggcctcag ggctccctcc 1740
 ggcttggcag actcagcctg tcaccccaaa tgcagcaat gcctgggtgat tccacacat 1800
 ccttcttgca tccccgacc ctcccagaca gcttggctct tgccccgac aggatactga 1860
 gccaaagccct gcctgtggcc aagccctgag tggccactgc caagctgcgg ggaagggttc 1920
 tgagcagggg catctgggag gctctggctg ccttctgcat ttatttgcct ttttctttt 1980
35 tctcttgctt ctaaggggtg gtggccacca ctgtttagaa tgacccttgg gaacagtga 2040
 cgtagagaat tgtttttagc agagtttgtg accaaagtca gagtggatca tgggtggtt 2100
 gcagcaggga atttgcctt ttggagcctg ctctgtgctc cccactccat ttctctgtcc 2160
 ctctgcctgg gctatgggaa gtggggatgc agatggccaa gctccccacc tgggtattca 2220
 aaaaacggcag acacaacatg ttctccacg cggctcactc gatgcctgca ggccccagt 2280
40 tgtgcctcaa ctgattctga cttcaggaaa agtaacacag agtggccttg gcctgtgtc 2340
 ttcccttatt ttctgtccca gctcatccgt gtctctgaag aaaaaatat cttttggacc 2400
 aaaaaaaaaa
2410

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

45

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2333 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

```

10 tgaaaaatgc ggacagtata ttcagaaagg ctattccaag ctcaagatat ataattgtga 60
 actagaaaat gtagcagaat ttgagggcct gacagacttc tcagatacgt tcaagttgtga 120
 ccgaggcaag tcggatgaaa atgaagatcc ttctgtggtt ggagagttta agggctcctt 180
 tcggatctac cctctgccgg atgacccacg cgtgccagcc cctcccagac agtttcggga 240
 attacctgac agcgtcccac aggaatgcac ggtaggatt tacattgttc gaggcttaga 300
 gctccagccc caggacaaca atggcctgtg tgacccttac ataaaaataa cactgggcaa 360
 15 aaaagtcatt gaagaccgag atcactacat tcccaacact ctcaaccag tctttggcag 420
 gatgtacgaa ctgagctgct acttacctca agaaaaagac ctgaaaattt ctgtctatga 480
 ttatgacacc tttaccggg atgaaaaagt aggagaaaca attattgatc tggaaaaccg 540
 attcctttcc cgctttgggt cccactgcgg cataccagag gactactgtg tttctggagt 600
 caatacctgg cgagatcaac tgagaccaac acagctgctt caaaatgtcg ccagattcaa 660
 20 aggttccca caaccatcc tttccgaaga tgggagtaga atcagatatg gaggacgaga 720
 ctacagcttg gatgaattg aagccaacaa aatcctgcac cagcacctcg gggcccctga 780
 agagcggctt gctcttcaca tctcaggac tcaggggctg gtccctgagc acgtggaaac 840
 aaggactttg cacagcacct tccagcccaa catttccag ggaaaacttc agatgtgggt 900
 ggatgttttc cccaagagt tggggccacc aggcctcct ttcaacatca cacccgaa 960
 25 agccaagaaa tactacctg gtgtgatcat ctggaacacc aaggacgta tcttggacga 1020
 gaaaagcatc acaggagagg aaatgagtga catctacgtc aaaggctgga ttcctggcaa 1080
 tgaagaaaac aaacagaaaa cagatgtcca ttacagatct ttggatgggt aagggaattt 1140
 taactggcga tttgttttcc cgtttgacta ccttccagcc gaacaactct gtatcgttgc 1200
 gaaaaaagag catttctgga gtattgacca aacggaattt cgaatcccac ccaggctgat 1260
 30 cattcagata tgggacaatg acaagttttc tctggatgac tacttgggtt tcctagaact 1320
 tgacttgctg cacacgatca ttcctgcaaa atcaccagag aaatgcaggt tggacatgat 1380
 tccggacctc aaagccatga acccccttaa agccaagaca gcctccctct ttgagcagaa 1440
 gtccatgaaa gtaggttggc catgctacgc agagaaagat ggcgcccgcg taatggctgg 1500
 gaaagtggag atgacattgg aaatcctcaa cgagaaggag gccgacgaga ggccagccgg 1560
 35 gaaggggagg gacgaaccca acatgaaccc caagctggac ttaccaaatc gaccagaaac 1620
 ctcccttctc tgggttcacca acccatgcaa gacctgaag ttcacgtgtg ggcgccgctt 1680
 taagtgggtc atcatcggct tgcgtttcct gcttatcctg ctgctcttcg tggccgtgct 1740
 cctctactct ttgccgaact atttgtcaat gaagattgta aagccaaatg tgtaacaaag 1800
 gcaaaggctt catttcaaga gtcattccagc aatgagagaa tcctgcctct gtagaccaac 1860
 40 atccagtgtg attttgtgtc tgagaccaca cccagtagc aggttacgcc atgtcaccga 1920
 gccccattga ttcacagagg gtcttagtcc tggaaagtca ggccaacaag caacgtttgc 1980
 atcatgttat ctcttaagta ttaaaagtgt tattttctaa agtttaaatc atgtttttca 2040
 aaatatTTTT caaggtggct ggttccattt aaaaatcatc tttttatatg tgtcttcggt 2100
 tctagacttc agcttttga aattgctaaa tagaattcaa aaatctctgc atcctgaggt 2160
 45 gatatacttc atatttgtaa tcaactgaaa gagctgtgca ttataaaatc agttagaata 2220
 gttagaacaa ttcttattta tgcccacaac cattgctata ttttgtatgg atgtcataaa 2280
 agtctattta acctctgtaa tgaactaaa taaaatgtt tcacctttaa aac 2333

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1612 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

```

15 gtctctctttt tttctctttt tttttttttt tttttttttc cctgtggaag tgctttttatt 60
 agcagtaagg ctgacgttac aaaaaattct cagagcttca taggacaagg tagtacaagt 120
 atggatgata caggactgag gaacggggga cggctcaaaa gaaatcaaca tcgtctgggg 180
 catccaggtc ccgatattcc acaatggccc ttgggtctcc acgaaccatc ctgttgcgag 240
 gtttcccagg ataacctccc tggcctcgga aggcatacata gttccctcga ccagcaccat 300
20 acggggcatg ggggtatgga gggcctcctg tggggactgc agggcggaca gcaccagctc 360
 catagcccaa gatcgggggc cggggctgac catagggcat caggccctgg ggagtctggg 420
 gtgggtaggg gagtctggg gtcaaacctg gggggagtat ctgggcgggc ccagggtggc 480
 gggctggctt gatctcaggc agagctgggc gcttagcatc agtgaggagg ttgttaaaaa 540
 acgcgacttc ctttttctc tcttcaattt tctctgcatg cttgttgaag atatgtttgc 600
25 gcacaaactc aggaccttg aatttcttgc cactgagagg acacagccac ttatccttgc 660
 ccagttcctg cgtgttgagg gtgacgaact tctccacttc ctgctctggg tctttgcgcc 720
 ccatcttctg gccctcttcc tctgagagtg actcccgcac actcagcaac ggcgtgagct 780
 tctctcctc aaa agtcttctgc cactccagca cttccccgtg actgatgcgg ttgggtggca 840
 tgggccccc aacgtggatg atcccacagc gattgggcat ctcgtcctcg ttggggtagt 900
30 cacagggtgt gtaataatcc aaggaatgca cgatgcgcag gtaaaggagg agcttgtcca 960
 agaccttaat caacttctca tcccgtctca cgttgatctc tgccgggttc ccttccttag 1020
 gaggctcctc aggaggagcg cccccgtgc tccccagcag ctccctcctc tcggcgctta 1080
 cttcctcgat caggtagtcg gtgatattct tcaagatcgg gttttgcgag ggcaggctcg 1140
 tgggcagggg aggcgtccct ggttctgagg cccaaagctg tgtcctgtca tccagcgtgt 1200
35 ggatcagctt ggccgccagc ttgatgtcgt tgcgcacaat ctgcttgtgc tgggtgatgc 1260
 cgttgatgtt gcgaacgcgc cgggtcaggt ccctgttcac accagggtc agctcacact 1320
 cccggagacg gatgttctgc aggttccaac agatctcttt aatgttaaca ctgcggtcga 1380
 aggtcaccca gccacgacgg aaaaacctcc tctctggctg gggctctgag agcgccaccc 1440
 gcataaagcc tgggtacctt ttacaaagg agatgatctc ggcccgggag atgttgggcg 1500
40 cgatgttcg catgaagagg gagcaggtct tatgcagcgg ccgcggttg cactccagcc 1560
 ccgcgcgctc cttgggcttc tccattctt cttccttggg cttctccttc tc 1612

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1106 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

10

```

gaaagctctg gctttcaggc tataggaaga gcagaagatg atgccagaag ttgctggggt 60
aaaaccagcg agtccaccgc tccttaccag ctcctcagaa ggcgagagacc gacctgata 120
acttaccgga tatttcgtca cagaagacac aaagacacat ccagcgggga ccacctcacc 180
tgcagattag accccaagc caaagacctg aaggatggga cccaggagga ggccacaaaa 240
15 aggcaagaag cccctgtgga tccccgcccg gaaggagatc cgagaggac agtcatcagc 300
tggaggggag cgggtgatcg gcctgagcag ggcaccgagc tcccttcaag aagagcagaa 360
gtgcccacca agcctcccct gccaccggcc aggacacagg gcacaccagt gcatctgaac 420
tatcgccaga agggcgatg tgacgtcttc ctgcatgcat ggaaaggata ccgcaagttt 480
gcatggggcc atgacgagct gaagcctgtg tccaggctct tcagttagtg gtttggcctc 540
20 ggtctcacac tgatcgacgc gctggacacc atgtggatct tgggtctgag gaaagaattt 600
gaggaagcca ggaagtgggt gtcgaagaag ttacactttg aaaaggacgt ggacgtcaac 660
ctgtttgaga gcacgatccg catcctgggg gggctcctga gtgcctacca cctgtctggg 720
gacagcctct tcctgaggaa agctgaggat tttggaaatc ggctaattgc tgccttcaga 780
acaccatcca agattcctta ctcggtgtg aacatcggtc ctggagtgc caccgcgcca 840
25 cggtggacct ccgacagcac tgtggccgag gtgaccagca ttcagctgga gttccgggag 900
ctctcccgtc tcacagggga taagaagttt caggaggcag tggagaaggt gacacagcac 960
atccacggcc tgtctgggaa gaaggatggg ctggtgcccc tggtcatcaa taccacagtt 1020
gggcctgttt caccacctg gggcgtattt cacggtgggg cgccaggggc cgacagctta 1080
ttattgagtt acctgtttga aaggca 1106

```

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1370 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

40

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

50

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

```

g c g g t g g c g a g g g g c g t a a c g g t t g t t g t a g t c c g g c c c c c t c c t g g c t g g t c c a g c c a c 60
a t t a a c c g g c a g g a t g t c g g a g g t g c g g c t g c c a c c g c t a c g c g c c c t g g a c g a c t t t g t 120
t c t g g g g t c g g c g c g t c t g g c g g c t c c g g a t c c a t g c g a c c c g c a g c g a t g g t g c c a c c g 180
c g t c a t c a a c a a c c t c c t c t a c t a c c a a a c c a a c t a c c t t c t c t g c t t c g g c a t c g g c c t 240
5 c g c t c t c g c c g g g t a c g t g c g g c c a c t t c a t a c g c t c c t g a g c g c g c t g g t a g t g g c g g t 300
g g c c c t c g g c g t g c t g g t g t g g g c a g c t g a g a c c c g c g c a c t g t g c g c c g c t g c c g c c g c 360
a g c c a c c c t g c a g c c t g c c t g g c c g c a g t g c t t g c c g t c g g c c t c c t g g t g c t c t g g g t c 420
g c g g g c g g c g c t t g c a c c t t c c t g t t c a g c a t c g c c g g g c c g g t g c t t c t g a t c c t g g t g 480
c a c g c c t c g t t g c g c c t g c g c a a c c t t a a g a a c a a g a t t g a g a a c a a g a t c g a g a g c a t t 540
10 g g t c t c a a g c g g a c g c c a a t g g g c c t g c t a c t a g a g g c a c t g g g a c a a g a g c a g g a g g c t 600
g g a t c c t a g c c c c c t g g g a t c t g t a c c c a g g a c c t g g a g a a t a c c a c c c c a c c c c a g c c 660
c a t a a t t g g g a c c c a g a g c c c t t t c c c a g c a c t t a a a a c a g g a g c c t a g a g c c c c c t g c c 720
c a a a c a a a a c a g g a c a t c t g t g a c c g c c c t a c c c c a c g c c a g c c c c a a a c t a a g a t a t c 780
c c t c a c a c c c a g c c c c c a t t a c c t a g g g a c a a g a g t c t t c c c c a g c c t t g a a c c t a g g a c 840
15 c a a g a g c c a c t t a c a t c c a g c c c c a a a a c t g g g g c t t c a g g c c a g a g c a t c c a t g g c c a a 900
t t t c a a a t t g t g a a c c c a g a g a c a c t c c c a t c c a c c c t t c t c c a t g c t c a t c c c c a a a c t 960
g g g g c c t g g a g c a a g g c a c t c t c a a a t c t t g a a c c c t g g a c c a a a g c t t t t c c a g a c c c c 1020
a c c c t a c c t t c c a a c c c a g g t c a a g a c a t t g c c a a a t c t t g a a c t c a g a a c c c a a g t g t t 1080
c c a t g c c c c t g t g t g g a t g g a g t c g g g t a t c c t g a c t g t t g g a c c c c t g g t c c a g g t g a t 1140
20 c c c g a c c c t c a c c a g t c c c a t t t g c c t c c c t c c a g c t c t g c t t a g g c a t t t t g c c c c t c a 1200
c c c c a a t g t t c c a c a c c a t c g a c a a c c a a g g g g t g a g g t g g g g a c a g g c c t c a g c a g g g a 1260
a t g g g g c g t a t a t g t t a g t g t t g c t g c a a c a a t a a a g c c t g t t g c a t c t c t c a t g c c a a a 1320
a a a a a a a a a a a a g t c g a c c g g c c g c a a a t a t a g t a g t a g t a g t c g t c c g c 1370

```

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 617 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

```

c t c g t a g t t t a t t a a a t g a t g t a c a a t t t g g c c a g t t t g g a g a t g a c c c a a a g g a g g a a g 60
t a a t g g t t c t g g a g a g a a t c t t a c t g g c a g a c c a t c a a g g t t g a t t t a c a g g t a g a a c a t 120
c c a t a c c a g t t c c t a c t a a a a t a t g c a a a g c a a c t c a a a g g t g a t a a a a a c a a a a t t c a a 180
a a g t t g g t t c a a a t g g c a t g g a c a t t t g t a a a t g a c a g t c t c t g c a c c a c c t t g t c a c t g 240
c a g t g g g a a c c a g a g a t c a t a g c a g t a g a c g t g a t g t a t c t c g c a g g a c g t t t g t g c a a a 300
t t t g a a a t a c a a g a a t g g a c c t c c a a a c c c a t g t a t a g g a g a t g g t g g g a g c a g t t t g t t 360
55 c a a g a t g t c c c g g t c g a c g t t t t g g a a g a c a t c t g c c a c c a a a t c c t g g a t c t t t a c t c a 420
c a a g g a a a a c a a c a g a t g c c t c a t c a c a c c c c c c a t c a g c t g c a a c a g c c c c c a t c t c c t 480
g a g c c t c c c a c c c c g c t g c c t g g g c c c t g t g g t t g c t g g g c c t c c c a c c t c a a g g a g g g g 540

```

aagggtgtac agcccgaaac cgtggagcaa tgccctgtct ggccctccaaa accaaaataa600  
aactgggtca ctttaaa 617

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1899 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

tgtgtgagggc ccaacagcgg aatcatcgat gcaggggcct gaattaatgt atctgtgatg 60  
ttacagcctt tgcattatga tcccaatgag aaaagtaaac acaggttatg gttcagtcta 120  
30 tgtttgctcc aactgacact tcagatatgg aagcagtatg gaaggaggca aaaccggaag 180  
accttatgga ttcaaaactt agatgtgtgt ttgaattgcc agcagagaat gataaaccac 240  
atgatgtaga aataaataaa attatatcca caactgcac aaagacagaa acaccaatag 300  
tgtctaagtc tctgagttct tctttggatg acaccgaagt taagaagggt atggaagaat 360  
gtaagaggct gcaagggtgaa gttcagaggc tacgggagga gaacaagcag ttcaaggaa 420  
35 aagatggact gcggatgagg aagacagtc agagcaacag ccccatctca gcattagccc 480  
caactgggaa ggaagaaggc ctttagcacc ggctcttggt tctggtggtt ttgtcttta 540  
tcgttgggtg aattattggg aagattgcct tgtagaggta gcattgcacag gatggtaaat 600  
tggtattgtg gatccaccat atcatgggat tttaatttat cataaccatg tgtaaaaaga 660  
aattaatgta tgatgacatc tcacaggtct tgccctttaa ttaccctcc ctgcacacac 720  
40 atacacagat acacacacac aaatataatg taacgatctt ttagaaagt aaatgtat 780  
agtaactgat tgagggggaa aagaatgatc tttattaatg acaagggaac ccatgagtaa 840  
tgccacaatg gcatattgta aatgtcattt taaacattgg taggccttgg tacatgatgc 900  
tggtattacct ctcttaaaat gacacccttc ctgcctgtt ggtgctggcc cttggggagc 960  
tgagagcccag catgctgggg agtgcggtca gctccacaca gtagtcccc cgtggcccac1020  
45 tcccggccca ggctgcttcc cgtgtcttca gttctgtcca agccatcagc tccttgggac1080  
tgatgaacag agtcagaagc ccaaaggaat tgcaactgtg cagcatcaga cgtactcgctc1140  
ataagtgaga ggcgtgtgtt gactgattga ccagcgctt tggaaataaa tggcagtgtc1200  
ttgttactt aaagggaacca agctaaattt gtattggtt atgtagtga gtcactgtc1260  
tattcagaga tgtttaatgc atatttaact tatttaatgt atttcatctc atgtttctt1320  
50 attgtcaca gagtacagtt aatgctgcgt gctgctgaac tctgttgggt gaactggtat1380  
tgctgctgga gggctgtggg ctctctgtc tctggagagt ctggtcatgt ggaggtggg1440  
tttattggga tgctggagaa gagctgccag gaagtgtttt ttctgggtca gtaataaaca1500  
actgtcatag ggagggaat tctcagtagt gacagtcaac tctaggttac ctttttaaat1560  
gaagagtagt cagtcttcta gattgttctt ataccacctc tcaaccatta ctcacacttc1620  
55 cagcgcccag gtccaaagtct gacctgacc tccccttggg gacctagcct ggagtcagga1680  
caaattggtc gggctgcaga gggtagaag cgagggcacc agcagttgtg ggtggggagc1740  
aagggaagag agaaactctt cagcgaatcc ttctagtact agttgagagt ttgactgtga1800

attaatttta tgccataaaa gaccaaccca gttctgtttg actatgtagc atcttgaaaa1860  
 gaaaaattat aataagccc caaaattaag aaataaaaa 1899

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

5

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1398 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

agaatgtcgg gcggtgctgc gaggcccaag cccgggcccgg ggccgcctcc ctcaacgcct 60  
 cccttgacgg cctccacaac gcactcttcg ccactcagcg cagcttggag cagcaccagc 120  
 30 ggctcttcca cagcctcttt gggaacttcc aagggtcat ggaagccaac gtcagcctgg 180  
 acctggggaa gctgcagacc atgctgagca ggaagggaa gaagcagcag aaagacctgg 240  
 aagctccccg gaagagggac aagaaggaag cggagccttt ggtggacata cgggtcacag 300  
 ggctgtgcc aggtgccttg ggcgcggcgc tctggaggc aggatccct gtggccttct 360  
 atgccagctt ttcagaagg acggctgccc tgcagacagt gaagttcaac accacataca 420  
 35 tcaacattgg cagcagctac ttccctgaac atggctactt ccgagcccct gagcgtggtg 480  
 tctacctgtt tgcagtgagc gttgaatttg gccagggcc aggcaccggg cagctggtgt 540  
 ttggaggta ccatcgact ccagtctgta ccactgggca ggggagtga agcacagcaa 600  
 cggtctttgc catggctgag ctgcagaagg gtgagcagat atggtttgag ttaaccagg 660  
 gatcaataac aaagagaagc ctgtcgggca ctgcatttg gggcttctct atgtttaaga 720  
 40 cctgaacccc agccccaatc tgatcagaca tcatggactc gccagctct cctcggcctg 780  
 gggctctggc caaggatggg ctggaggta ttcatgttggt ctgtctcttc cctggaaacc 840  
 ttctgcaaag atgggtgtgt gtacgtggct tccctgtaac cacatggggc ttggccattt 900  
 ctccatgatg agaaggactg gaatgcttct ccgggcagga catggctcta ggaagcctga 960  
 accttggtt ggcatgcctt ctacagacagc acggcctggg ctccaactct tcaccacacc1020  
 45 ctgtattcta caacttcttt ggtgttttgc tctcctgtg gttggaaact tctgtacaac1080  
 actttaaaact tttctcttgc ttctcttct cttctccct atcgtatgat agaaagacat1140  
 tcttccccag gaggaatgtt taaaatggag gcaacatttt ggccaacatt ggaaagcact1200  
 agagggcaat gggattaaac caacctgctt ggtctctatt agtcagtaat gaagacgaca1260  
 gcctggccaa ccaagggaaa ggaaattagt atctttagtt tcagtcattc cttgtagggg1320  
 50 tatgggtttt agcttggtgc cccaccgaa aagattcatc ttggattgtt aatgcctatt1380  
 attcccccaca ttaagggg 1398

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

55

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1340 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

20 tttggcatca tttaacaattt catagaatta ctgtgaaggc ctttctagtt gagatggttg 60  
ggtatttggg attctaattg ttaaccccag aagaaggtaa tttagcttgt atttatttaa 120  
aaccatttta gccttttact tatatctggt agaattccag tgatcatcct aataaggat 180  
atttcagaat aatttttttt tccttcagaa taacttagaa tcagatgcta taagggtcc 240  
25 taggagcagt gtgaaatttc cgtaaagata aatttgaatg ttgtaaccaa gtttatatta 300  
aaccaagagg ccattttcaa tatgattttt tgtttctttt taacttgta agtccctaag 360  
agattacatg ctagggttg agtcatttct attgtagata atgatggccc acacagtcac 420  
cttcaactat ccacataagc taggctttcc gcttttgcca cggacagtgt gaccaagata 480  
tttccagagt aaataaccca ccacaacctt ggtaattcct cttttcttct taagctccag 540  
30 gaagcgaaag cagaaggact cttttcagac tgccctctgt agcctacatt gcagctttcc 600  
aaaacaggca gctagcactg ggaaagccca tgtggtgacc ccatattttt ctgagggttct 660  
tcttttccat ggtgttactt tattatcaga aagtaaattc agaaaacagg tcttgccctt 720  
agcagacaag aaccacacca gtttcttgta aaggtaacgg atacattggg attcaggagt 780  
gacacagagg tccagcccca gaacttgtaa ggattttgtt tgaacactga gcagatgcct 840  
35 cctccctgcc acccatcaca ctagttaggg ctggccatga attctatgcc agagtcactc 900  
ctgcagtctg ctagggtatg gccttcttat cccactctcg cacacatccc agtctagtct 960  
ttgccttcac agagtccctc ttgacacccc tgacttaatg atagttgctg ttttggagta1020  
gaattgatca ggtttaagtc atoctgctca ggttgggcat agtggctcat gcctgtaatc1080  
tcagcacttt gggaagccaa agtgggagga ttgcttgagc ccaggagtcc caaaccatcc1140  
40 tgggcaacag agggagaccc tgtctctacc aagaaaaaaa aaaaaaaaaa aaagttaaaa1200  
aaacaattag ctggacctg tggtgcacac tcagtaggct gaggtgaaag gattccttta1260  
acatgggaga ctgaagatgc agtgagccat gaatcagcaa ctgcacacca gtatgagaga1320  
aaaagtggaa ccctatcaca 1340

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 315 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
50 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52

15 atcagcacat caattgcagc attgtggcta ccaggggggc aggatgcggg cgggtggagcc 60  
ctctggcctt tgtgtggtag ccgaggactc tgtgtcagcg accgttttcc gggaaacttc120  
cgggcgagac tcacatcttg gaaattcaaa tactcaatag ctctcgaatt ctaggaatct180  
tgagaagagg cctggattaa ggattcagac gtgggccctc agatggctat ggcattgctg240  
gttctaccaa cgtgacagg gatcaagtta agaagctgga cgtcctctcc aacgacctgg300  
gtatggaaca ggtta 315

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25 (A) LÄNGE: 1162 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

45 cggctcgagc ggctcgagat tcgaggctcgt ggtggctcttg gaagagcgtc gagggggccg 60  
tggaacgtgga atgggccgag gagatggatt tgattctcgt ggcaaacgtg aatttgatag 120  
gcatagtggga agtgatagat ctggcctgaa gcacgaggac aaacgtggag gtagcggatc 180  
tcacaaactgg ggaactgtca aagacgaatt aacagagtcc cccaaatata ttcagaaaca 240  
aatatcttat aattacagtg acttgatca atcaaagtgt actgaggaaa cacctgaagg 300  
tgaagaacat catccagtgg cagacactga aaataaggag aatgaagtgt aagaggtaaa 360  
50 agaggagggt ccaaaagaga tgactttgga tgagtggaaag gctattcaaa ataaggaccg 420  
ggcaaaagta gaatttaata tccgaaaacc aaatgaagggt gctgatgggc agtggagaa 480  
gggatttggt cttcataaat caaagagtga agaggctcat gctgaagatt cggttatgga 540  
ccatcatttc cgggaagccag caaatgatat aacgtctcag ctggagatca attttgaga 600  
ccttgccgc ccaggacgtg gcggcagggt aggacgaggt ggacgtgggc gtggtgggcg 660  
55 cccaaacgtg ggcagcagga ccgacaagtc aagtgtctct gctcctgatg tggatgaccc 720

agaggcattc ccagctctgg cttaactgga tgccataaga caaccctggt tcctttgtga 780  
 acccttctgt tcaaaagcttt tgcatgctta aggattccaa acgactaaga aattaaaaaa 840  
 aaaaagactg tcattcacac cattcacacc taaagactga attttatctg ttttaaaaaat 900  
 gaacttctcc cgctacacag aagtaacaaa tatggtagtc agttttgtat ttagaaatgt 960  
 5 attggtagca gggatgtttt cataattttc agagattatg cattcttcat gaatactttt1020  
 gtattgctgc ttgcaaatat gcatttccaa acttgaaata taggtgtgaa cagtgtgtac1080  
 cagttaaaaa aatcacaaaa aaaaaaaatt ttaattaagg atttagaagt tcccccaatt1140  
 acaaactggt ttttaaatatt gg 1162

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1826 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:54

cggctcgagg ccccgccct gtteggcccg cgccaccggc ccgcgccccg ccatggagga 60  
 35 cctggatgcc ctgctctctg acctggagac taccacctcg cacatgccaa ggtcaggggc 120  
 tcccaaagag cgccctgcgg agcctctcac cctccccca tcctatggcc accagccaca 180  
 gacagggctc ggggagtcct caggagcctc gggggacaag gaccacctgt acagcacggt 240  
 atgcaagcct cggccccaa agcctgcagc ccggcgggcc cctccattct cctcttcag 300  
 cgggtgtctt ggtagcgggc tctgtgagct agatcggttg cttcaggaac ttaatgccac 360  
 40 tcagttcaac atcacagatg aaatcatgtc tcagttccca tctagcaagg tggcttcagg 420  
 agagcagaag gaggaccagt ctgaagataa gaaaagaccc agcctccctt ccagcccgtc 480  
 tcctggcctc ccaaaggcct ctgccacctc agccactctg gagctggata gactgatggc 540  
 ctactctct gacttccgcg ttcaaaacca tcttccagcc tctgggccaa ctcagccacc 600  
 ggtggtgagc tccacaaatg agggctcccc atccccacca gagccgactg gcaagggcag 660  
 45 cctagacacc atgctggggc tgctgcagtc cgacctcagc cgccggggtg ttcccccca 720  
 ggccaaaggc ctctgtggct cctgcaataa acctattgct gggcaagtgg tgacggctct 780  
 gggccgcgcc tggcaccctg agcacttcgt ttgcggaggc tgttccaccg ccctgggagg 840  
 cagcagcttc ttcgagaagg atggagcccc cttctgcccc gagtgctact ttgagcgctt 900  
 ctcgccaa gaagtgttct gcaaccagcc catccgacac aagatggtga ccgccttggg 960  
 50 cactactgg caccagagc atttctgctg cgtcagttgc ggggagccct tcggagatga1020  
 gggtttccac gagcgcgagg gccgccccta ctgcgcggc gacttcctgc agctgttcgc1080  
 ccgcgcgtgc cagggtgccc agggcccat cctggataac tacatctcgg cgctcagcgc1140  
 gctctggcac ccgactgtt tcgtctgcag ggaatgcttc gcgccttct cgggaggcag1200  
 ctttttcgag cacgagggcc gcccgctgtg cgagaaccac ttccacgcac gacgcgctc1260  
 55 gctgtgcgcc acgtgtggcc tccctgtgac gggccgctgc gtgtcggccc tgggtcggcc1320  
 cttccaccgc gaccacttca catgcacctt ctgcctgcgc ccgctcacca aggggtcctt1380  
 ccaggagcgc gccggcaagc cctactgcca gccctgcttc ctgaagctct tcggctgaca1440

gcccgcctcgg ctgcgcctct cccccggagg ccgcgcctc ccggaaaagc cgggtcctcc1500  
 agaccccagag gccttgctct cagagcggga ggccccaccc actggagagc cccgccccta1560  
 aggtactatg agtctcagg ggtcaagttc agaaacggcc cagccagacc taaaccacal620  
 cgcccacaaa gtggattgca cacagacaag aactcccgtg cgggcctcca ctctattccc1680  
 5 acccttgagg gagccccctt actgggggag ggtccttgca attccagcga atcggaggcc1740  
 aggccaggac gtccttgctc cctgcaccct cactgttctg tgcacttttt ctacctacat1800  
 aaacacacgc attccacctc aaaaaa 1826

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

10

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1114 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

gatgaagtag atgactttga ggacttcac ttcagccact tctttggaga caaagcactg 60  
 aagaagaggt caggaagaa ggacaagcac tcacagagcc caagagctgc ggggcccagg 120  
 35 gaggggcaca gcataggggg ctgacaccct gccccacagg gaatggcctt ggccctggccc 180  
 agcccaagat ccagcggtta tctaactcct ggagggtgga ctctgtcctg gcttggttgg 240  
 tgtcctcaga tatctttcac acagtagagc aaaatcacca gccctgcact gatgtcactt 300  
 tatgtagaaa aaggccttag ctggacctgc gttgccgtct atgcaaatgc atgcaaatat 360  
 tccaggccct gggatgtggg ctgtgtgttt gtcactgtga agggggagat gggagaggag 420  
 40 cctgttttgg ggtggggtct gggaaggca atctgattct gaagctaaag agctttcatc 480  
 ctcttgagt tagtccccca tagtggggcc cttgaccac atgctgaccg gtgccttggg 540  
 atttgactag agttgctggc tcgaggccca gcacgaggac ttaccctggg gttttgttag 600  
 gtttggaagc agctgtccct agggggtgaa gtcccccccc tttttttttt tttaccctg 660  
 cttctccac ggcttcacct ccctatgtga actgtagact cagatcccaa taaagtgtct 720  
 45 ttgcagctat gatgctagg ggtttctaag cacaggggac acccacacc ccctgcctga 780  
 atggatgggt ccatcccagg cactggtagt tgcccccttg ttctgtatcc ccctttgccc 840  
 ttgccttgcc cttccaacaa accctaggcc cttgagaagc tgatacttct ccttttgctc 900  
 acagctgctt tggccccacc cctgggagat gtagcaaat gagtgtgggt tttggagtct 960  
 gagcctcagg ctcaaatcca ggccaagtga tcttgggcaa gttaattctt gggaactttg1020  
 50 ggtttcttat cctcaaaaaa ggcgatggaa gggctgggga agtgattaaa taaaagcaac1080  
 gcaagaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa 1114

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

55

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1644 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

20 ctcgagccgt gcaagtggaa taacacgggc tgccaggccc tgcccagcca agaacgaagg 60  
 ccccagcaag gccttcgtga actgtgacga gaacagccgg cttgtctccc tgaccctgaa 120  
 cctggtgacc agggctgatg agggctggta ctggtgtgga gtgaagcagg gccacttcta 180  
 tggagagact gcagccgtct atgtggcagt tgaagagagg aaggcagcgg ggtcccgcga 240  
 25 tgtcagccta gcgaaggcag acgctgctcc tgaatgagaag gtgctagact ctgggttttcg 300  
 ggagattgag aacaaagcca ttcaggatcc caggcttttt gcagaggaaa aggcgggtggc 360  
 agatacaaga gatcaagccg atgggagcag agcatctgtg gattccggca gctctgagga 420  
 acaagtgga agctccagag cgctggtctc caccctgggtg cccttgggccc tgggtgctggc 480  
 agtgggagcc gtggctgtgg ggggtggccag agcccggcac aggaagaacg tcgaccgagt 540  
 30 ttcaatcaga agctacagga cagacattag catgtcagac ttcgagaact ccagggaatt 600  
 tggagccaat gacaacatgg gagcctcttc gatcactcag gagacatccc tcggaggaaa 660  
 agaagagttt gttgccacca ctgagagcac cacagagacc aaagaacca agaaggcaaa 720  
 aaggtcatcc aaggaggaa cagagatggc ctacaaagac ttcctgctcc agtccagcac 780  
 cgtggccgcc gaggcccgag acggcccccga ggaagcctag acggtgtcgc cgctgctcc 840  
 35 ctgcacccat gacaatcacc ttcagaatca tgtcgatcct ggggccctca gctcctgggg 900  
 accccactcc ctgctctaac acctgcctag gtttttccta ctgtcctcag aggcgtgctg 960  
 gtcccctcct cagtgcacac aaagcctggc ctaattgttc ctattgggga tgagggtggc 1020  
 atgaggaggt cccacttgca acttctttct gttgagagaa cctcaggtac ggagaagaat 1080  
 agaggtcctc atgggtccct tgaaggaaaga gggaccaggg tggagagact gattgcagaa 1140  
 40 aggagagacg tgcagcgccc ctctgcaccc ttatcatggg atgtcaacag aatttttccc 1200  
 tccactccat cctccctcc cgctcctccc ctcttcttct ttcttccat caaaagatgt 1260  
 atttgaattc atactagaat tcaggtgctt tgctagatgc tgtgacaggt atgccacca 1320  
 cactgctcac agcctttctg aggacaccag tgaaagaagc cacagctctt ctggcgctat 1380  
 ttatactcac tgagtcttaa cttttcacca ggggtgctca cctctgcccc tattgggaga 1440  
 45 ggtcataaaa tgtctcgagt cctaaggcct taggggtcat gtatgatgag catacacaca 1500  
 ggtaattata aaccacatt cttaccattt cacacataag aaaattgagg tttggaagag 1560  
 tgaagcgttt ttctttttct tttttttttt tgagacggag gtcttccactg tcgcccaggc 1620  
 tggagtgcag tggcgcaatc tcgg 1644

- 50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 2184 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 55 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57

tgcagtggtc agagtgcact ggtataaggg agagggcacc accttgcccc ctgtgctgac 60  
 tcctggccctt gtgcgagggg agtccatccc gatccggctc ttccctggccg ggtatgagct 120  
 20 caccgccacc atgcgggaca tcaacaagaa gttctctgtg cgctattacc tcaacctggg 180  
 gctgatagac gaggaggagc ggcgctactt caagcagcag gaagtgggtg tgtggcggaa 240  
 gggtagacac gtacggaaga gcatgtccca ccaggcggcc atcgccctcac agcgctttga 300  
 gggcaccacc tccctgggtg aggtgcggac ccccgccag ctgtctgaca acaactgcag 360  
 gcagtagggc cccaggggccg agaagatgct gggcaccacc ccagcaccac catctaccaa 420  
 25 caccagcggc tggggggcggg ggcggacctt gtgaggctca gttgaccctg tacttgcaac 480  
 ctgaaaacaa atcatgtttt tgacttaaat tcttttctct ggagaacca aggggcttgg 540  
 ggtgggaagc agtctctcct tgggattctg cggccgatgt ggatagaag aggtagcatc 600  
 ctggaagcca gctctcttgg ggaacatgag ccccttctct cggggggctg ccttgctct 660  
 tagaggaggg agagcagaga gcacgcaccc ttggctcctg gctctctgag cttcctgata 720  
 30 caggatctga gcatgtccct gggattctga gctgccaaca gggccctggg tagtcacatc 780  
 ttgtactccc ctttctgtgc ccggaggtag tggcaggagt tgggccagcc cccactaagt 840  
 ggcaggggaa gactcacgat tgggaagcta cctctttggg aatcttggat gtggtgatct 900  
 caagttccca caggccacct ccttctggcc actactgct gggaccagc cactccctt 960  
 ctccatcctc tctggattgt cagtaatgtc ctggaacaga agcctgtagg atggccttgg 1020  
 35 gcacggagaa gccttgggt cagtgtcgtg caggatggc ggcagtgtg aaccaggag 1080  
 gctgaacccg gcccaccacg gaagatgagt gcatggcaac cgctgcctt cactgcctc 1140  
 cacttgtaaa cccaagggtc tgggctgttc taggtattgc ttacgtgcc ccagcaagcc 1200  
 cttaacaaga gggcctggtt ccctgaagaa ccaatcccag gaaggggcct tgatccctcc 1260  
 gccttgctga gagtgaacc tegtctctcc tcaccctcca ttctatttct gggaattggg 1320  
 40 gcttagtttc gaaccttgg caaggctgtt cttactaatg cccaagcccc ttaccctc 1380  
 tccctatagg ttacacagg gagaccagg cctcggcaga agactgctgc cacacttccg 1440  
 aatcattctg cttgccaat aggtcatctt caccagttga ctgaccctaa tttaggacca 1500  
 ttggtatcgt gtgttataaa aacacatata aaaaaactct tgtgaatatt cttgttatgc 1560  
 tagagaggaa ggtacttctc cctctacggc tctgcgtgg ggcctatggt agtaaaagtt 1620  
 45 ttactgtcc ttttctgct tcccctggaa atgacaggca ttactctccc attggcctcc 1680  
 cttcccttta tagaaagacc aagcaggccc cactggccaa gaggtagcgt atttggcagt 1740  
 ctgagttctc agtaatttgg aaagttaagg agttggttcc tgtgtcacct ttcagttagt 1800  
 gtgggaaagg aagacttctg ttttcctgag atcagtgcag tctcaggcct ttggcaggcc 1860  
 tcatggatca gagctgagac tggagggaga ggcatttcgg gtagcctagg agggcgactg 1920  
 50 gcggcagcag aaccgaggaa ggcaagggtt tttcccccac gctgtgtcct gtgttcaggt 1980  
 gcgacacaca atcctcatgg gaacaggatc accatgcgc tgcccttgat gatcaagggt 2040  
 ggggcttaag tggataagg aggcaagttc tgggttccct gccttttcag agcatgaggt 2100  
 caggctctgt atccctcctt ttccctagctg atattctaac tagaagcatt tgtcaagttc 2160  
 cctgtgtggc ccttcccccc agag 2184

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1510 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

10

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

agcctgggaa acacagtagg gctccacctc tacaaaaaac acaaaaatta gccaggcatg 60  
 tggcgctcata gtagaattaa tcaaaagcaa gaaaatggct ggaggagctg tcttgttggc 120  
 aggacctcct ggaactggca agacagctct ggctctggct attgctcagg agctgggtag 180  
 25 taagggtcccc ttctgcccac tgggtggggag tgaagtttac tcaactgaga tcaagaagac 240  
 agaggtgctg atggagaact tccgcagggc cattgggctg cgaataaagg agaccaagga 300  
 agtttatgaa ggtgaagtca cagagctaac tccgtgtgag acagagaatc ccatgggagg 360  
 atatggcaaa accattagcc atgtgatcat aggactcaaa acagccaaag gaaccaaaaca 420  
 gttgaaactg gaccccgaca tttttgaaa gttgcagaaa gagcgagtag aagctggaga 480  
 30 tgtgatttac attgaagcca acagtggggc cgtgaagagg cagggcagggt gtgataccta 540  
 tgccacagaa ttcgacctg aagctgaaga gtatgtcccc ttgccaaaag gggatgtgca 600  
 caaaaagaaa gaaatcatcc aagatgtgac ctgtcatgac ttggatgtgg ctaatgcgcg 660  
 gccccagggg ggacaagata tcctgtccat gatgggccag ctaatgaagc caaagaagac 720  
 agaaatcaca gacaaacttc gaggggagat taataagggt gtgaacaagt acatcgacca 780  
 35 gggcattgct gagctggtcc cgggtgtgct gttgttggat gaggtccaca tgctggacat 840  
 tgagtgtctc acctacctgc accgcgcctt ggagtcttct atcgctccca tcgtcatctt 900  
 tgcattccaa cagaggcaact gtgtcatcag aggcactgag gacatcacat cccctcacgg 960  
 catccctctt gaccttctgg accgagtgt gataatccgg accatgctgt atactccaca1020  
 ggaaatgaaa cagatcatta aaatccgtgc ccagacggaa ggaatcaaca tcagtggaga1080  
 40 ggcactgaac cacctggggg agattggcac caagaccaca ctgaggtact cagtgcagct1140  
 gctgaccccg gccaaacttg ttgctaaaat caacgggaag gacagcattg agaaagagca1200  
 tgctgaagag atcagtgaac ttttctatga tgccaagtcc tccgccaaaa tcctgggctt1260  
 gaccaggcag ggataagtta cattgaagtt gagatggctt gaggggtttt cagcagctaa1320  
 gagacttccc caggtgtgcc tggcctgggg tccagcctgt gggcgctttg ccctgggggt1380  
 45 tgggggctgc ccttcccat tcaggcgttg gttgcagcg ttgttcaatt tcagttgttg1440  
 gaaagcggtt ttttttgaa gttagtctta agtgtttccc cttgggtttg ttttgaaaag1500  
 aaccttctc 1510

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

50

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1188 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 55 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

```

gagaactcac accatatgtg tcctgttcca gtgcgcgggt ctgtggagag ccgggtgcca 60
gcgcgcggcag cacgagggga aaagagctga gcggagacca aagtcagccg ggagacagtg 120
ggtctgtgag agaccgaata gaggggctgg ggccacgagc gccattgaca agcaatgggg 180
aagaacacaga aaaacaagag cgaagacagc accaaggatg acattgatct tgatgccttg 240
gctgcagaaa tagaaggagc tgggtgctgcc aaagaacagg agcctcaaaa gtcaaaaggg 300
aaaaagaaaa aagagaaaaa aaagcaggac tttgatgaag atgatatcct gaaagaactg 360
gaagaattgt ctttggaaag tcaaggcatc aaagctgaca gagaaactgt tgcagtgaag 420
ccaacagaaa acaatgaaga ggaattcacc tcaaaagata aaaaaagaa aggacagaag 480
ggcaaaaaac agagttttga tgataatgat agcgaagaat tggaagataa agattcaaaa 540
tcaaaaaaga ctgcaaaaac gaaagtggaa atgtactctg ggagtttaac aaacttccta 600
aaaaagctaa agggaaagct caaaaatcaa ataagaagtg ggatgggtca gaggaggatg 660
aggataacag taaaaaaatt aaagagcgtt caagaataaa ttcttctggt gaaagtgggtg 720
atgaatcaga tgaatttttg caatctagaa aaggacagaa aaaaaatcag aaaaacaagc 780
caggtcctaa catagaaagt gggaatgaag atgatgacgc ctcttcaaa attaaagacag 840
tggcccaaaa gaaggcagaa aagaaggagc gcgagagaaa aaagcgagat gaagaaaaag 900
cgaaactcg gaagctgaaa gaaaaagaag agttagaaac aggtaaaaag gatcagagta 960
aacaaaagga atctcaaagg aaatttgaag aagaaactgt aaaatccaaa gtgactgttg1020
atactggagt aattcctgcc tctgaagaga aagcagagac tcccacagct gcagaagatg1080
acaatgaagg agacaaaaag aacgaaagat aagaagaaaa agaaaggagg acaaggagg1140
aaaagagaac agagaaggaa agaagggcct ggcaaaagcc actgtttc 1188

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2208 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

```

gcaggacggc tctgggccct tectggetga cttcaacggc ttctcccacc tggagctgag 60
aggcctgcac acctttgcac gggacctggg ggagaagatg gcgctggagg tctgttccct 120
ggcacgaggc cccagcgggc tectgtctta caacgggcag aagacggacg gcaaggggga 180
10 cttcgtgtcg ctggcactgc gggaccggcg cctggagttc cgctacgacc tgggcaaggg 240
ggcagcggtc atcaggagca gggagccagt caccctggga gcctggacca gggctctact 300
ggagcgaaac ggccgcaagg gtgccctgcy tgtgggcgac ggcccccggtg tgttggggga 360
gtccccgggt cgcacacccg tectcaacct gaaggagccg ctctacgtag ggggcgctcc 420
cgacttcagc aagctggccc gtctgtctgc cgtgtcctct ggcttcgacg gtgccatcca 480
15 gctgggtctcc ctccggaggc gccagctgct gaccccgagg cacgtgctgc ggcaggtgga 540
cgtcacgtcc tttgcaggtc acccctgcac ccgggcctca ggccaccctc gcctcaatgg 600
ggcctcctgc gtcccgaggg aggtgcctta tgtgtgcctg tgtcccgggg gattctcagg 660
accgcactgc gagaaggggc tgggtggaga gtccagcgggg gacgtggata ccttggcctt 720
tgacggggcg acctttgtcg agtacctcaa cgctgtgacc gagagcgaga aggcactgca 780
20 gagcaaccac tttgaactga gcctgcgcac tgaggccacg caggggctgg tgctctggag 840
tggcaaggcc acggagcggg cagactatgt ggcaactggc attgtggacg ggcacctgca 900
actgagctac aacctgggct cccagcccggt ggtgctgcgt tccaccgtgc ccgtcaacac 960
caaccgctgg ttgcgggtcg tggcacatag ggagcagagg gaaggttccc tgcaggtggg 1020
caatgaggcc cctgtgaccg gctcctcccc gctgggcgac acgcagctgg aactgatgg 1080
25 agccctgtgg cttggggggc tgcggagctt gccctggggc ccagcactgc ccaaggccta 1140
cggcacaggc tttgtgggct gcttgcggga tgtggtggtg ggccggcacc cgctgcacct 1200
gctggaggag ccgctacca agccagagct gcggccctgc cccaccccat gagctggcac 1260
cagagccccc gcccgtgtgt aattattttt tatttttgta aacttgtcgc tttttgat 1320
gattttcttg cctgagtgtt ggccggaggg actgtgggac cggcctccct tccgtccagg 1380
30 cagccgtgct gcagacagac ctagtgtgta gggatggaca ggcgaggtgg cagcgtggag 1440
ggctcggcgt ggatggcagc ctacagacac acaccctgc ctcaaggtgc tgagcccccg 1500
ccttgcaactg cgcctgcccc acggtgtccc cgccgggaag cagccccggc tctgtaata 1560
ccctcgctcc gtcaggcggg actcgtgtcc cagagaggaa ggggctgctg aggtctgatg 1620
ggcccttccc tccgggtgac cccacagggc ctttccaagc ccctatttga gctgctcctt 1680
35 cctgtgtgtg ctctggaccc tgcctcggcc tectgcgcca atactgtgac ttccaaaca 1740
tgttactgct gggcacagct ctgcgttgc cccgtgctgc ctgcgccagc ccaggctgct 1800
gaggagcaga ggccagacca gggccgatct ggggtgtcctg accctcagct ggccctgccc 1860
agccaccctg gacatgaccg tatccctctg ccacacccca ggccctgcga ggggctatcg 1920
agaggagctc actgtgggat ggggttgacc tctgccgctt gcctgggtat ctgggcctgg 1980
40 ccattgacctg gttcttcatg tgttgatttt atttgacccc tggagtgggtg ggtctcatct 2040
ttcccatctc gcctgagagc ggctgagggc tgcctcactg caaaatcctc cccacaaaag 2100
cggtcagtga aaagtcggtc ctttgcctta aaaaatgacc aaggggcca gcaagttttg 2160
tgaacaaagg gtgaaggggg aagttcgaaa aggttggaag ggaattttt 2208

```

## 45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 283 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

50 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

10

```

gaaaagggg agggggagtg acaatctttg cttggggcct atgacttctc cagccccaag 60
gggagatgcc accgggaaat cccccaatgt ccactagggg gcaggaggcc accgttcttc120
gtactccgga gaacctggct ggagagctct ttcttgttca cccttcctc cagctgtatc180
tctgccctgc agataacgtg aaggactgga gcaaggctgt cctggcctat gagcctgtgt240
15 gggccattgg tactggcaag actgcaacac cccaacaggg aac 283

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 184 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

20

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

25

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

35

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

40

```

aacggaggat gcctaggctt ctggaggcga agaaggacgc ggcaagctgc gaaaagtcac 60
gggtatctgc aagcatgaaa tgatccgtga atatccgaat ggggcaaccc gtgcagggtgal20
agcctgcaca cctgaataaa tcaggggcag acgcagggaa ctgaaacatc ttagtacctg180
45 cagg 184

```

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1780 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

```

1 tcccccccg gggaaccccc cccatcgggc ccccaaagcg ctgggggttac agccttaagc 60
2 caccaagccc cggccgacct tcttctattt ttccattctc ctttccaaag ccatggccat 120
3 gcgctcctgt gtacaggtgc ataaacacat cagtgtgcc a cctcacat gcatgtcgtt 180
20 ccccaccct ccttcccagg gcttctcttg gctccagcgt tcctctggga cctctgcag 240
4 atacagcctg tgctggaccc ccagccaggg tgagggtcga ttctgctctg tcttccccac 300
5 tgcctcagtt tccccaaaaa gctgctttca cgtccttcta gtagggggcc tcccatgggg 360
6 gcaaggatcc cctttaggat tcaatctttc ctcttggggc agttttggct ttgagtcccc 420
7 cagggatcag ggtgagaatg aagaagagct cagtgagcgg aatgacagca gctgggtggg 480
25 tgggtgtgggg agaggctgag gggaaggcag ctctaagact gggagtggag ttcttgagg 540
8 tgtggggagg gggcggtgtt ttcaatttag aaaaatctca gccagctcga gccgagagag 600
9 aatgcgaaag aggaagtctg gaaggagcga ggaatggggt gggtaggcagc gggggccgct 660
10 cagttgctgt cgtcttctgc caccagcacg gcgtccgact cctcggtgat ctccagcagc 720
11 cggtgcacgt cggggtgct cccgcgccgc aggtcccgcc cctccccccg ctccgcccac 780
30 ctccaccatc tcggtggcct tgagcacttc cacctggccc tcgcggtatc tcttgacgtg 840
12 gaagtgaaag ggtggcacct ttagaccgc ggtcttggag cgcgcgtaca ccacgtggtc 900
13 gggcgtgaag gatttgcgca acttgctccg cgacgtcttc agtttctcgc gccgctcggc 960
14 gggcaccagg cgcgtgcccc gcttgctcat gcgttctcc aggtgtgccc gcgtcttctc 1020
15 caggttttcc ttggtcttga ggcgcgtctt ctccaggttc tcgcggttac gcaccttggt 1080
35 cttctccatc ttctccttgg agaaggcctt cttgaagtcg tccacgcgcc gcaggccctg 1140
16 cgcttgatac gctctgcgcg ggactcctca ataacctct caacctccac cgctcgtcc 1200
17 gacgaaagct ccagcgccgc tgcgtcctcc tcgggcgcgt cgccctcgcc cagctcctcg 1260
18 ccctccttct ctggcagcgc ctccgactct ttcagcgatt tgctgatgct cagtttgcc 1320
19 ggcagcttca cttcatcctg gtagatcatg actttaagtg tgcggcgccg cagcagctcg 1380
40 gcctcgttga cctccagctt cttgatctgc cccgcctggc gctccaggct gccgcgcacg 1440
20 gtcttcacgt tgacgtgac cttgcgcacc ttctccagca gcttgctcac cgtattgctc 1500
21 tgggtggcgt gcgccttggc cagcttgctc agctcgccct ggatgctctg cactgcgccc 1560
22 tccatctccg cctgcgcgtc ctccagctgt gcttgagtca gctggatctg gtctacggcc 1620
23 ccgatgattt tgtccaggag gctcagcacc agcacgccgt tcacctggtc cgacttgatc 1680
45 agctcttctg agccggcccc cgacggctcc tccgtgctc gagccccagc ggaggaagct 1740
24 ccggggcctc ggcgatcggg gtaccgggac aagcgccgcg 1780

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1652 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64

```

15 ctcgagcggc tcgagccgat tcggctcgag cggctcgaga agaagatatg ctagtctgta 60
 tttttgctgt gctattgagg atcaggacaa tgaactaatt accctggaaa taattcatcg 120
 ttatgtggaa ttacttgaca agtatttcgg cagtgtctgt gaactagata tcatctttaa 180
 ttttgagaag gcttatttta ttttgatga gtttcttttg ggagggaag ttcaggaaac 240
 atccaagaaa aatgtcctta aagcaattga gcaggctgat ctactgcagg aggaagctga 300
20 aacccacgt agtggttctt gaagaaattg gactgacata actctcctcc cttgttgatg 360
 acttcttggt gcatttcaca cactgtagat ggctactccc ttcattgtcca tgttagctca 420
 tgggtgaaga tgatgtcttg tcagtattac tgttttgcta agccgcttca ttcattgccta 480
 cacaattttt ttttaaaagg gaactttagt taattaagtg ataagggact taaatatgaa 540
 ttagaatggt gcagaaagag ataccttttc tggatatttt aaagttaaaa ggtcagtttc 600
25 tcttaatctg attatgtgca catatgaaaa tggcacatca tatacatgta aaatcaggca 660
 gtatacattt attaattact gtatttgaca aaggaaactc ttaaattata atgtgaaacc 720
 tgggttttat aaaccaaaga ctagtgcagc atttcagcat atgtaaaaag aaaaaaaaaa 780
 gggaattgac atgtcacata tcaaatgaat ggaaactttg ttgaaacttt aaaaagcaaa 840
 tttactccaa agacttgat tggaaattac atacctttt tttttttt aaaggactac 900
30 agattatttt taatgactaa attggagtga tacttcttac actaaaaatt atttcttagg 960
 cattctgaat ctgggatgag aaacaggatt gtttcacaat agtaagcaca taatttttaa 1020
 ggccaaggca catttgactc ctgagatgaa tttttgtgg tcataatcaa atacttagtt 1080
 gtttttgatg ccccaaaaata aagtgagaat ggtaatttgc caggaattct tcataacagt 1140
 atcttacaaa aaacgtgttg ctctcttcac agtattatgt gtaaagtcac tgtttaaagc 1200
35 acgaatgttc cctctgggtt acttgtaaaa gctaaattta ttttgcttcc ctccacttag 1260
 aagtgtgca cactttacag cagcttcctt tctttccatg gcactgccta gttaacagaa 1320
 gtcttataaa aatttaaaaa gacacatttc ttacaaaaaa gagttgaatg aggtaaaatg 1380
 gcattagatg gctctatatt ttttaagct atgtaattgt tcagcgtcac ttttctaagt 1440
 acttatacat atctaaacat gtcttcatgg tttatatttt cacttatata tgctgggctg 1500
40 gattaagctt tgttgatgatt gtgaccaaca ttcaggccac gtgagcactg tcttatcaca 1560
 tcgccaatta gttgtaataa acgttcaacg tacaaaaaaa aaaaaggcg cagcttcctt 1620
 ggggggaatt actggaagcg ggttaagcg ga 1652

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1085 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

```

gctccctggc ctccctctca gacagcttgg ggggtgtctgt catggccacc gaccaggact 60
cctactccac cagcagcacg gaggaggagc tggagcagtt cagcagcccc agcgtgaaga 120
agaagccctc catgacccctg ggcaaggctc ggcaccggct gagctttgcc agtttcagca 180
gcatgttcca cgctttcctc tccaacaacc gcaagctgta caagaagggtg gtggagctgg 240
cgcaggacaa gggctcgtac tttggcagcc tgggtgcagga ctacaagggtg tacagcctgg 300
agatgatggc gcgccagacc tccagcacgg agatgtctga ggagattcgc accatgatga 360
cccagctcaa gagctacctg ctgcagagca ccgagctcaa ggccctgggtg gaccccgccc 420
tgcaactccg ggaggagctc gaagcaattg tagagtctgc cttgtacaaa tgtgtcctga 480
agccctgaa ggaagccatc aactcatgcc tgcacagat ccacagcaag gatggttcgc 540
tgcagcagct caaggagaac cagttagtga tccctggccac caccaccact gacctagggtg 600
tgaccaccag cgtgccggag gtgcccata tggagaagat cctgcagaag ttcaccagca 660
tgacaaggc ctactcacct gagaagaaga tctccatcct gctcaagacc tgcaaaactca 720
tctacgactc catggccctc ggcaaccacg ggaagcccta tggggcggtg gacttcctgc 780
ctgtgtctcat gtatgtgctg gcccgagca acctcacgga gatgcttctc aatgtggagt 840
acatgatgga gtcctatggac cccgcctcgc agctggggga ggggttcctac tatctgacca 900
ccacctacgg ggccctggag cacatcaaga gctacgacaa gatcacggtg acccggcagc 960
tgagtgtgga ggtgcaggac tccatccacc gctgggagcg ccggcgctact ctcaacaagg 1020
cccgggcctc ccgctcctcc gtacagccac ttcattctgc tgtcgtacct ggagcccgag 1080
cagca

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1393 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

```

5 gggcaggagg gggagttgac gggctgacac aggaaactcc cctgaaacct gtttctcagc 60
 ttcccggccc agctggggca cccactggaa ggagaggcca ggcggaagac cctggctccg 120
 tcatggcctc tgccctgagg ccaccccggtg tccccaagcc taagggtgtc ctgccttcac 180
 actactatga gagctttcta gagaagaagg ggcctgtga ccgggattac aagaagttct 240
10 gggcaggcct gcagggtctc accatattatt tctacaatag caatcgggac ttccagcacg 300
 tggagaagct caacttgga gcatctgaga aactcacaga tgagattccc tggggaagct 360
 cacgtgaccc tggcaccac ttcagcctga ttctccgaa tcaggagatc aagttcaagg 420
 tagagacctt ggagtgctcg gaaatgtgga aaggcttcat cttaacgggtg gtggagctcc 480
 gtgtcccac cgacttgacc ctgcttcctg ggcacctata catgatgtct gaagtcttgg 540
15 ccaaagagga ggcgcgccgt gacttgaga caccctcgtg cttcctgaag gtgagccggc 600
 tggaggcaca actgtcctg gagcgctacc ccgagtgcgg gaacctgctg ctgcggccca 660
 gcggggacgg cgccgacggt gtcggtcacc acgcggcaga tgcacaacgg gacgcacgtg 720
 gtccggcatt acaaggtgaa gcgggagggg cccaagtac gtgatcgatg tggaacagcc 780
 gttctcttgc acctccctgg acgcccgtgt caactatttc gtgtcgcata ccaaaaaggc 840
20 gctggtgcca ttctgttag acgaggata cgagaagggt ctaggctacg tggagccga 900
 taaggagaat ggcgagaatg tgtgggtggc gccctccgct ccggggccag gtcctgcacc 960
 ctgcacaggt ggccccaagc cgctgtcacc tgcgtctagc caggacaagc tgccccact 1020
 gccccacta ccgaaccagg aagagaacta cgtgaccctc attggagatg gccagctgt 1080
 tgactatgag aaccaagatg tggcttcctc tagttggcca gtcacctga agccaaaga 1140
25 ttggccaaag cctcctgcca agcttccaaa gccaccggtt ggacccaagc cagagccca 1200
 agtctttaat ggtggcttgg gcaggggagc tgccagttca gtttcagccc agcctcttct 1260
 ttccccacag gccgggctgg gcagacatgg acggcagagt tacagaagaa gctgggagaa 1320
 gagggggggc actggtagca tggtttcgga cacaccaggg accagcgggt tagttccagg 1380
 gcgggccagg tgg 1393

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1248 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

```

50 ggcacgagga agttaagatc atacatgcgg atgtgctggt aacctgcaag aagcaatcat 60
 gctgcggtcc ggtgtgacct cccaaggcat tcacctggg agtccctggt gctgcacccc 120
 aaccaggca gagctcatcg tgggtgacca gagcggggct atccacatct gggacttgaa 180
 aacagaccac aacgagcagc tgatccctga gcccgaggtc tccatcacgt ccgccacat 240
 cgatcccgac gccagctaca tggcagctgt caatagcacc ggaaactgct atgtctgga 300
55 tctgacgggg ggcattgggt acgaggtgac ccagctcatc cccaagacta agatccctgc 360
 ccacacgcgc tacgccctgc agtgtcgctt cagccccgac tccacgctcc tcgccacctg 420
 ctcggctgat cagacgtgca agatctggag gacgtccaac ttctccctga tgacggagct 480

```

gagcatcaag agcgggcaacc ccggggagtc ctccccgggc tggatgtggg gctgcgcctt 540  
 ctccgggggac tcccagtaga tcgtcactgc ttctcgggac aacctggccc ggctctggtg 600  
 tgtggagact ggagagatca agagagagta tggcggccac cagaaggctg ttgtctgcct 660  
 ggcccttcaat gacagtgtgc tgggctagcc tgtgaccctt cgggactgcc tgggtgcagg 720  
 5 ggtggcagct ggagggaccc atgcagcacc caggtcagag cagaccctcc cctgccggcc 780  
 tgcgccactg gacctgatgg cccctgtgg cgccttgacc tgctgggcca ggctgcctg 840  
 ggactctcag cccctcagttg cttatccaga tgtgacagag ctcgacccaa gccaggctgc 900  
 acactcctgg actgggctag cctgcactgc ctgggaaagt cggccgaggg cccaaagctg 960  
 ctgaggggtc tgaggctggt gccaccccc aagctagtgt gttctctgcc cctccctgcc 1020  
 10 cgcgtttcag ggcctcggtc catagagaac accaccacca tggccagggtg gaagggttta 1080  
 ttagtcctg ccagcagctg tctccctgg tgcagggtgg ctggccagcc cactggattg 1140  
 gggacgggcc aggtcgggcc aggtcggggg ctgagctctg gaggtataaa aagcagaccg 1200  
 acacgcagat gttgctcggg aaaaaaaaa aaaaaaaaa aaaaaaaa 1248

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1099 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 20 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 30 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

40 ctcgtgcaat ttcgggcagg gagtgtcaag cctgttgtct taacattttg tataaaaaag 60  
 aacaacagaa attatctgtc atttgagaag tggcttgaca atcatttgag ctttgaaagc 120  
 agtcactgtg gtgtaatatg aatgctgtcc tagtgggtcat agtaccagg gcacgtgtct 180  
 ccccttggtg taactgattt ccttttttagt cctctactgc taaataagtt aattttgcat 240  
 tttgcagaaa gaaacattga ttgctaaatc tttttgctgc tgtgttttgg tgttttcattg 300  
 tttacttggt ttatatgtat ctgttttaag tatgagaggc ttatagtgcc ctccattgta 360  
 45 aatccatagt catcttttta agcttattgt gtttaagaaa gtagctatgt gttaaacaga 420  
 ggtgatggca gcccttccct agcacactgg tggagagagac cccttaagaa cctgacccca 480  
 gtgaatgaag ctgatgcaca gggagcacca aaggaccttc gtttaagtgt aattgtcctg 540  
 gcctctcagc catgaccgtt atgaggaaat atccccatt cgaacttaac agatgcctcc 600  
 tctccaaaga gaattaaaaat cgtagcttgt acagatcaag agaataact gggcagaatg 660  
 50 aagtatgttt gtttattttt ctttaaaaaat aaaggatttt ggaactctgg agagtaagaa 720  
 tatagtatag agtttgcttc aacacatgtg agggccaaat aacctgctag ctaggcagta 780  
 ataaactctg ttacagaaga gaaaaagggc cgggcacagt ggcttattcc tgtaatccca 840  
 aactgtgga aggccgaggc aggaggatca cttgagtcga ggagtttgaa acctacctag 900  
 gcaacatggt gaaaccttgt ctctacaaa ataaaaatta gctgggcatg gtggcacgtg 960  
 55 cctgtggtcc cagctacttg ggaggctgag gtgggagcct gggagggtcaa ggctgcagtg 1020  
 agccatgatc atgccactgc actccatcct gggtgacagc aagatcttgt ctcaaaaaaa 1080  
 aaaaaaaaa aagtcgacc 1099

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 774 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

25 tttatggagc ctgtactatg taccagatgc agactgtgct agcgggtggg gatacagtga 60  
 tgacttgggc tgcctctagg tggcagggag ccattttggg ttttcgaaca gaaaagtgc120  
 ataataaatg ctgagttctt aggaagatta atccaggagt agtctccagg atgtactgga180  
 aggagagaag ctgaaaccag ggaggctgct gtgtttgcag ttggctgccc agtgctacct240  
 30 ctgcagagac aatcaatgtc ctgaaggtag ctggtatgtc tgtgtgcact gacacgagcc300  
 ttcctaccaa gcccagggg ctccatgctg gagaatgcac gtagggctag ggtgagcact360  
 aacttcactt caggagagca aggaacagtg tggctcttcc attttccagt tctgtaagca420  
 catcaccctt ttctctctcc cttagctgt gtctctgcac agctgtttgt tggtaaagcc480  
 agcagccctt aaagcacgtc ccagccttgt ctctctgtg ctttcccca ccactgctgc540  
 35 tgcacgcctc atttgctggg ccactttagt ggtggaacca ttagaggctg agtgacttaa600  
 aggagattga gtctgtctcg accccgagag agagtgggat ggatggatgc atcgtctcat660  
 ttagaaagtg ttgcctctga ctctaacaca ctcttctctc tttctttacc gccctccctg720  
 tgtgcgtccc tgggggggcg tgggctaaac cccttccgtc cccctttctc ctte 774

## 40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 426 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70

```

10 tagctccagt ctcagctgta tcattttcta actgattttt acaataaaaa tgagagtaaa 60
 aatcagttac tctttctaga cattaattag cacatttacg ttaagactct aagtagtata 120
 aaatgtaaat tgctgctacc ctactaagtt actgtcagta aatactgtgt gcagtaaatg 180
 ttgagtatgg attaatgaa ggatacctct acaattattt cctttagtca aggttgtagc 240
 taagaattgg gcttctgaca tacattcttt ttaatctttt tcgtattggg ttttatagca 300
15 ctaaacctaa tttctaacat atttttacac ctgaaatcta cattctaata taaagggttt 360
 tttttataac gttcctaaaa tttcaggccc tcagcaggca gtttttgctc cagttttctt 420
 caacag 426

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1417 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

```

gccaaccttc cctcccccaa ccttggggcc gcccagggt tctgcgcac tgcctgttcc 60
45 tcttgggtgt cactggcagc cctgtccttc ctagaggagc tggaacctaa ttctcctgag 120
 gctgaggag ggtggagggt ctcaaggcaa cgctggcccc acgacggagt gccaggagca 180
 ctaacagtac ccttagcttg ctttcctcct ccctcctttt tattttcaag ttctttttta 240
 tttctccttg cgtaacaacc ttcttccctt ctgcaccact gcccgtaacc ttacccgccc 300
 cgccacctcc ttgctacccc actcttgaaa ccacagctgt tggcagggtc cccagctcat 360
 gccagcctca tctcctttct tgctagcccc caaagggcct ccaggcaaca tggggggccc 420
50 agtcagagag ccggcactct cagttgcctt ctggttgagt tggggggcag ctctgggggc 480
 cgtggcttgt gccatggctc tgctgaccca acaaacagag ctgcagagcc tcaggagaga 540
 ggtgagccgg ctgcagggga caggaggccc ctcccagaat ggggaagggt atccctggca 600
 gagtctccc gagcagagtt ccgatgccct ggaagcctgg gagagtgggg agagatccc 660
 gaaaaggaga gcagtgtct cccaaaaaca gaagaatgac tccgatgtga cagaggtgat 720
55 gtggcaacca gctcttaggc gtgggagagg cctacaggcc caaggatat gtgtccgaat 780
 ccaggatgct ggagtttatc tgctgtatag ccaggctctg tttcaagacg tgactttcac 840

```

```

catgggtcag gtggtgtctc gagaaggcca aggaaggcag gagactctat tccgatgtat 900
aagaagtatg ccctcccacc cggaccgggc ctacaacagc tgctatagcg caggtgtctt 960
ccatttacac caaggggata ttctgagtgat cataattccc cgggcaaggc cgaaacttaal020
cctctctcca catggaacct .tcctgggggtt tgtgaaactg tgattgtgtt ataaaaagt1080
5 gctcccagct tggaagacca ggggtgggtac atactggaga cagccaagag ctgagtatat1140
aaaggagagg gaatgtgcag gaacagaggc gtcttcctgg gtttggtcc ccgttcctca1200
ctttccctt ttcattccca cccctagac tttgatttta cggatatctt gcttctgttc1260
cccattggagc tccgaattct tgcgtgtgtg tagatgaggc gcgggggacg ggcgccaggc1320
attgttcaga cctggtcggg gccactgga agcatccaga acagcaccac catctaacgg1380
10 ccgctcgagg gaagcaccgc gcggtttggg cgaagtc 1417

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 691 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

```

35 ctgccttcgc gtgcgtcgtt tacgccagtt tgaaccaaag acgccaagg ttgaggccga 60
gttcacagagc atgggggtctc ggttgtccca gccttttgag tcctatatca ctgcgcctcc120
cggtagccgcc gccgcgccc ccaaacctgc gcccccagct acaccggag cgcgcacctc180
cccagcagaa caccgcctgt tgaagacctg ctggagctgt cgcgtgctt ctgggttggg240
gctgatgggg gcgggcgggt acgtgtactg ggtggcacgg aagcccatga agatgggata300
40 cccccgagt ccatggacca ttacgcagat ggtcatcggc ctgagcattg ccacctgggg360
tatcgttgtc atggcagacc ccaaaggga ggctaccgc gttgtttgaa agtaccacca420
gtgaatctgt cttctgtctc tgtcccttc cccgtgacac acagagcagg catggaattt480
aatgggtgtt ctggacagac acttgtagat ggacagacat cactactgtg gatactacaa540
gactgaaaag aaaatcgtat gttgtcattc tctggctatg gagtgtttgt ggccttcaca600
45 gatcttcacg gaaccaataa atccctcaga gaagtaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa660
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a
691

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1705 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

```

gattcggcat gaggacagag ccctttttga aaataaattg gcattggagt gttttaccct 60
ctagctgttt tacttagaat gtaacatatt ctgcctaccc acctcaaaat gtctgtactg 120
caagagggcc ctgggcctct gctttccata ttcacgtttg gccagagtgt tagtcccaaa 180
20 gaagagcatg ggtggcagat ggtagggaat tgaactggcc tgtgcaatgg gcatggagca 240
caaggggtca cagcatgcct cctgccttac cgtggcagta cggagacagt ccagaacatg 300
gtcttcttgc cacggggtgt tgttgtctct ggtgggtctg catgtctgtg gctcaccttt 360
attcttgaaa ctgaggttta cctggatctg gctactgagg cttagagcca cagcagaatg 420
gggttgggcc tgtggccccc caaactaggg ggtgtgggtt catcacagtg ttgccttttg 480
25 tctcctaaag atagggatct acttttgaag ggaattgttc ctccaaata aatttgcttt 540
accttgggtcc tttcttttgt gccagtattc aagtggata gctctgagca ggtcacatt 600
tggccaaacc tgacactgtc ttgctgcatt ctctttggc aaacatcagg gtcagaattc 660
aggatagccc ttctaggggc actggacttt ctggcatggg ggctgtgttt gcacaagtta 720
ttttcatggt acctggagag tgtccagagg ctgctctgag gctgaggtgt gttccccctt 780
30 gcctggttcc agctgtcaga gggataccat cctagggtct gggaatccaa ggccacgaga 840
ctccttggtt tgtggtccga gatcctgtac taaggagggt ctggccagag gaacagacca 900
gcttttgcac aatgaagcgc aagggaacaa gtggtttgcc tgggtgtccta cctgtcctga 960
acctggtcct gtgggccatt gaaaagttag atctgtgac tctggggttt ttgtggcttt1020
gttcaatgct tccactctag ggcaggcaga gcagtctata ctctcccaag cctgcttgac1080
35 ctccaagtag agctgataca gagatctgtg aatattgtga tagaaattct ttggtattca1140
tacatttcag ctgcaagtca gcaatttccc aggtaccatg taagctataa aacagtcatt1200
cttaaagaca gaggatagct gtgactcatg ggatcatgag gtccatggct ggttgacagt1260
tccctttttc ctctctcagg tttgtctct tctgtgttg tccccagca gggagagact1320
gtggggtgga ttgggagaac agattaggag tatagcaaat gaaccagaa tgggaacagt1380
40 gggagctaac tgtgaatgag gagagtacct gctgcaggac ctggaggtca ggtgtgaatg1440
ctgtattggc acagggaata aatatcctgg cgtctggagc ctccacctct ccgtcaagtc1500
cttctgtgta tactgccatg gcacaggatc tgagttgcag ctctgcaccc taaatcacac1560
cctgggcatt gtctgggctg cagggtgcc aggttctgta ctgtgtcca gctgtggccc1620
tggtatgccg aaactgggag ggttttcttg tgcccagaat gtagcctgta acgcttgggc1680
45 gcctttttaa gcccccttg gggcc 1705

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50

(A) LÄNGE: 1516 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

```

15 gtttattcctt agtagttgga actaatgtag tctgactaaa atacacatgg gtgtctgctc 60
 tgtgatgttt aaacttatct gttttgtttg gttttcattt caggaagcag aagtgcagc 120
 aaagcagcaa gcatgaacct taagcactgt gctttaagca tcctgaaaaa tgagtctcca 180
 ttgcttttat aaaatagcag aattagcttt gcttcaaaag aaataggctt aatgttgaaa 240
 taatagatta gttgggtttt cacatgcaaa cattcaaaat gaatacaaaa ttaaaatttg 300
 aacattatgg tgattatggg gaggagaatg ggatattaac ataaaattat attaataagt 360
20 agatatcgta gaaatagtg tgttacctgc caagccatcc tgtatacacc aatgatttta 420
 caaagaaaac acccttcctt ccttctgcca ttactatggc aacttaagtg tatctgcagc 480
 tctacattaa aaaggagaaa gagaaataac ctgtctctca ttcctaagtt gcctcattaa 540
 ttttcatgaa caagaatatg tacctttttg atgctatatt actgcgatta aaaagttctt 600
 gcaggtaatg tttatgatat gttaaactgt gtaatttctt atcgtaatta taacattccc 660
25 attcttttgt agatgaaact tctacatatt gaaccacaga ttttctgagc ttctaaatgt 720
 agcctttcat tgcacatttc agtgatcaga atagatatcc ttttacacgc acaaagcaa 780
 tagattcatt cagtggacaa gttccttggt taactacaca gctatgatgg aatgatatat 840
 ccaagttcct tgcctcagtg aaatatgcat atgtatatca tgaaagtggg atgccaagta 900
 agcttaaaat ggcattctct agcaaagaga ttagactttt aaataactct tataaaacag 960
30 gttggcgatc atttcccaag attgggtttcc cttgagtttt tgctaaaaa aatcttagta 1020
 gttttgccc tttaaacaa ctcacaatcg taaatgctac tattcctaag atatcttacc 1080
 tttttatttc agtttagcca tgtattgtat gagtgtatta gtctaagcag tgagaatcct 1140
 ttctatgcct ctattccagc aaaaagtaga agtatcaaat aaaaagggca acttttaaaa 1200
 tattaagcct gaagacttct aaaaagacaa gaaacatggc ctataaacc aacatagatt 1260
35 tacatagtaa gtttcacact accttattac caaaagcaaa cacctcttac tttaaactac 1320
 attatcatgt atatctattg tatgctggtc tttacttttt gccaaaatca acatataatg 1380
 aagagatgcc tttgtttcat gagattcaaa cttgatgcta tgctttaaaa taaactcagt 1440
 acttttagaa acataaaaaa aaaaaaaaaa aggcgacccc ccgagtagtg ggcccgcgcc 1500
 cggggatttt tccggg 1516

```

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1490 Basenpaare  
 45 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

```
10 gaataaaggg ctggccagac ccagtggcgt cctttcccag acctttcttg gcacaaagcc 60
 tttgctgcct ggcttgagg ccctgcggcc tacattctct ggacccact atgtgccttg 120
 caaagggcta gtgccttgag gaaactgagg tagctgggtt ggtcccttc caggaattca 180
 gagtctggtg gcaggggcat gggaaataga cagatgtaat tctatagcct gggcctggca 240
 ccctccacct ccacgcccc ccagcattgc cttacgcctc ccttgcccca cgttagatgg 300
 tttcttccgg ttttgactc tggctgcccc ttggagtctc ctggggagct gtaatatctc 360
15 tttggagatt cagattgagc tggcttaggt tgtggcccag gcattgggca ttttgaagc 420
 ccccagggtg tttcagcttg cagccaggcc gagagagagc ccctgagtca gatcccatg 480
 gtttaggcac acctagcggg aggggtggct cctggacccc accgtgggtg gagagctgag 540
 catgtgtgtg gcttttagtg ggtctgttag ttatgggggt ctgggcactg gagctgcagg 600
 acacttggga tcccagggtc gaaagggcca gatgagcaac taggaaagac ttggggggcca 660
20 gggcgagatg gggtcacctg acactcttgt gaggccctt ctagtgcctg ctcacaccgg 720
 aatttcattc actccaagaa gccatcaggg gtaagatacc ttcctttaa cgtcactaag 780
 aaagaagagg cctgccggtg acacagtaag atgccattga tctaaagatg cgtcttgatt 840
 tcagaaaggt ccggaagtgg aaagcaggtt tcagggtgctg tgaggtagag ggttctcctg 900
 taggccccag ggatggtctc aggggtgctg agtgcgtgctg tggtaaattg atggagccca 960
25 ggggcgcctc ctgccagtgt cctccaggca ctcaaacctg gcccttctga agccgacctc 1020
 acgtgacctc acagccccctc ctgaaggcgc ctactgatg acggtgggtg gaataacagc 1080
 cccagagatg gtccagggtt ggaaccccag gacgtgggaa agtggtacct tgcgtggca 1140
 aagggaacccg gcgcctgtgc ttcagttcag gatttcgtgg tggggagatg accgtggatg 1200
 gttgaggttg gccctgagta atcatggggg cccttataag ggaaggggag tcacgaggtg 1260
30 ctgcgcatag agcaaggaag cttctggctg tgaagatggc aagaaggcct ggggccaggc 1320
 gatgaggttg ccctggagg agctggaaaa ggcattggat tctgccccag agcctccgtg 1380
 gagaaacaaa gccgcactga caagacttca gcctggtgaa aaccattttg gactcctgac 1440
 ctctagaact gtaagataat aaattgggtg ggttttcaac ctctcaaatg 1490
```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2513 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

```

5 ctcgagccga ttcggtttca gcagaaagtg atggaaaaag aaactgaaaa ggcgatttct 60
 gaaatcgaag atgctgcatt cctggccccg gagaaagcga aacaagatgc tgaatattat 120
 gctgcacaca aatatgccac ctcaaacaag cacaagttga ccccggaata tctggagctc 180
 aaaaagtacc aggccattgc ttctaacagt aagatctatt ttggcagcaa catccctaac 240
 atgttcgtgg actcctcatg tgctttgaaa tattcagata ttaggactgg aagagaaaagc 300
 tcactcccct ctaaggaggc tcttgaaccc tctggagaga acgtcatcca aaacaaagag 360
 agcacagggt gatgcaagag gtggaatgt tctccatata aagatgtggc ccaaggggtt 420
10 aagtgggaac aatcattata cggactcttc agatttacag agaacttaca cttcatctgt 480
 tccacctctc ctgcatagat cctgggtgct ccactgattg gaggatagag ccagctgtct 540
 gacacacaaa tggctctttc agccacagtc ttatcaagta tcttatatgt attcctttct 600
 aaactgctac tcatgaatga ggaaagtctg atgctaagat actgcctgca ctggaatgtt 660
 aaacactaaa tatataacaa gctgtgtttt cctaagctga gatctgttga ataatgttta 720
15 cattcgctccc ccgggggaaat gtatgctcag ccaccattca agagatgact gagaaggaga 780
 tggttaagttc aagaagactg attgcacctg ggaccaggc cctttctttg ggatccagtc 840
 ccagcccttca tccatgtgat taagatccag gccgctgaag ttccccagga aatgatcttc 900
 cacttgagca accttttact tgatacgatt tgcacctttc tgttttcctg cagtcagggt 960
 ggtggcctgc agggacctga gctttgctac ccaaccagat tcctcataga gattcctaatt 1020
20 cactagtttc ttgtattcat aaactcagag atacagaggg ctgtgtttga agttggggtg 1080
 agatgaaacc tttgctctga gccaaagctc tggggccttg cattccctgc attgggtgall 1140
 tgactgtcag catcactgcc gcagcatgct tgactaagggt acctgggttt agccacagcc 1200
 acctccttgt atgttacctt tcagctctgg ccaagagtgg gacaggggtt taaccacaaal 1260
 taggagcagc atgcaattcc tagtgacttg ctgcacagta ttgtatcata attacaggaa 1320
25 gtttttattt ttaaaactgg atctggggta tattcatttg ccccatcacc tctgtctaaal 1380
 ggcccaagtc ctagggtgct catggtcaca agcacactga tgctccttaa gattgtttat 1440
 ctggagccca catagtgtgg aacaaaaagt cacctagaaa gcatccttgg tcatcattgt 1500
 ctccttccca cctggcccag agatgcttaa atccaagttg tttctccagc tgtcacctcc 1560
 cccaggagat caggattcca ctgacgtcct gggcagccag tgaatttaat tttccatgag 1620
30 aaacaacaga gtttaacctgt ggcattagga gacctacttc atgtggacct ttttttccct 1680
 tcagttaaac ttttctggag cagtgtgctg cgtagtccgg cctgagtttg tgcagcttgt 1740
 taagacaact cttgtgtacg ctatgttgaa gctcaacaaa aaagtcatgg gaccacttct 1800
 agaaatcttt cagctgtcag gcctgtcagt ctcattgacag tttgttggtt gtgccaacaa 1860
 ctttatttgg gaaaggaaaag ccagatttg aatgggtctt tcccctgggc cttatcctat 1920
35 agaggcattt gtaatatgga gaaaataatt tttcattttt gctcatttaa ttctataaat 1980
 tctctttata aatgaatttt gtgttcttta gttctcctta aaagaacttt tgaattataa 2040
 aaataaaatc tttacctgtc gaattgttgc tgcagatgat tgttgtggaa aatctggatc 2100
 attgacctct gtgctttcat tctagagat gttttatagt tacatgagca aaagctgttg 2160
 ccccaaagtg atggccctgg aggcggggct gaggaacagg gaaatgccgc tgtgaagtct 2220
40 taaagcactt ctgcttaaac tcccatgtgt gaggaagtgt cctccctgtg ccctctcagc 2280
 tctgaggctg gccgtctttc ggggtgttcc ttttgcaaaa tatacactgt aatcttgagt 2340
 ctaaatttat atgttgaaat gctacctttt ttaaaataag aaactaaata aaattatttt 2400
 actatcaaaa aaaaagaaaag gggagggaag ggggaggagg gggtaggagg gggggggggg 2460
 gagggggggg aggggaatgt ctcgagaggg ggggggtggg ggcgccgtcg agc 2513

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1962 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

10

```

accgacggcc gcccttttcc gtcttttttt tttttacatt tcaaatatat tttattactt 60
tccatcttag aaagaatatg aaacctgcat gcaatgctaa tggtttctga catgtacata 120
gcatataaca cagcagtaga atgcggcata tactgggggg cagtgtgtgg agggggcggt 180
cttaagggtg tatgtacaga ggaaaggcg catggtcatc ttagctttcg aaaggaggact 240
gcactgttta acattgaaga attacatggg gaatcacaaa tatattgctt tagtactgca 300
tgtgtctgtg tgggtgaggga aagaaacatg ctttgaaggt tttcccttgt caacagaatg 360
tgtgtctgtg gctgtgtatt gcgcattgat tcatatattt ttaagttttc tcctaagggt 420
tttgctgaca gtgttgggaa cctcacatgc ttctgaagca ttaaatattg aacctgtgaa 480
cctttcagaa atcctcaggt tgggaaagac cccacacctt ctttaaggat catttgtctc 540
gccatcacag gatcttgga atgtttccta ggggtgtgaa aaattaacca ggggggaatg 600
aagcacattt tcttggaac caaacttgag ttctcagag aacagatgca gagagacctg 660
ctcctgcttg cccggctaca ggggccactg tggagtcaca ctgaggctgt gaccggccat 720
aagcccagga gagcccgtag cagctgtgcc gaggcgccag gacctctaag cggaagcttc 780
ccaagctagg aatggagcaa cactgcaatg aaatgtgtcc accaagctca ttgttcctcc 840
cgggcgctta taaagctcag atgtatagt acgtatggac aaatacaaaa aaaaaaaaaa 900
aaaaaaaaaa aaaaaaagcc tttcttctc acaggcataa gacacaaatt atatattgtt 960
atgaagcact ttttaccaac gggtcagttt tacattttat agctgcgtgc gaaaggcttc1020
cagatgggag acccatctct cttgtgtctc agacttcac acaggctgct ttttatcaaa1080
aaggggaaaa ctcatgcctt tcttttttaa aaaatgcttt tttgtatttg tccatacgtc1140
actatacatc tgagctttat aagcgcccg gaggaacaat gagcttgggtg gacacatttc1200
attgcagtgt tgctccattc ctagcttggg aagcttccgc ttagagggtcc tggcgctcg1260
gcacagctgc caggggctct cctgggctta tggccggtca cagcctcagt gtgactccac1320
agtggcccc gttagccgggc aagcaggagc aggtctctct gcactctgtc tctgaggaac1380
tcaagtttgg ttgccagaaa aatgtgcttc attccccctt ggttaatttt tacacacct1440
aggaacattt tccaagatcc tgtgatggcg agacaaatga tccttaaaga aggtgtgggg1500
tctttcccaa cctgaggatt tctgaaaggt tcacagggtc aatatttaat gcttcagaag1560
catgtgaggt tcccaacact gtcagcaaaa accttaggag aaaacttaaa aatatatga1620
tacatgcgca atacacagc acagacacac attctgttga caagggaaaa ccttcaaagc1680
atgtttcttt cctcaccac aacagaacat gcagtactaa agcaatata ttgtgattcc1740
ccatgtaatt cttcaatgtt aaacagtgca gtctctttc gaaagctaag atgaccatgc1800
gccctttcct ctgtacatat acccttaaga acgccccctc cacacactgc cccccagtag1860
tacgcaggca ttggtaccgg ctggtgttaa aatggctatg ggacatgggc aggaaccat1920
ttaggcattg gcattgaggg ttccataatc cgtttctaag ga 1962

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 788 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

```

cgttgcccc gccgcgggcg cgagatggat tccgggtgct ggttggtcgg cggcgagttc 60
gaggactcgg tggtcagga gaggccggag cggcggtcag gaccgccgc gtcctactgc120
gccaagctct gcgagccgca gtggttttat gaagaaacag aaagcagtga tgatgttgaa180
15 gtgctgactc tcaagaaatt caaaggagac ctggcctaca gacgacaaga gtatcagaaa240
gcactgcagg agtattccag tatctctgaa aaattgtcat caaccaattt tgccatgaaa300
agggatgtcc aggaaggtca ggctcgggtg ctggctcacc tgggtaggca tatggaggcg360
ctggagattg ctgcaaactt ggaaaataaa gcaaccaaca cagaccattt aaccacggt420
ctctacctcc agcttgctat ttgttcaagt ttgcagaact tggagaaaac aattttctgc480
20 ctgcagaaac tgatttcttt gcatcctttt aatccttgga actggggcaa attggcagag540
gcttacctga atctggggcc agctctttca gcagcacttg cgtcatctca gaaacagcac600
agtttcacct caagtgacaa aactatcaaa tccttctttc cacactcagg aaaagactgt660
cttttggtgt ttctgaaac cttgcctgag agctctttaa ttttctgtgg aagggatacg720
aggaatggca ggaaaattgg gaagttttgc aaatgtgcc aacctggttg agaaaggggg780
25 acaggttt 788

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30 (A) LÄNGE: 299 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

```

50 aacctccctc gaggaattg atcttcagcc ctccacctc acaatctaca cagcagcctt 60
gaaggaaaag acgccagact tcagacgtct ctctcctcgc gtctcggaga ccgcggactc120
ccgtaaggtc gcccggtggc cccgatttgt aatgcgggac aaccccgggc gcgggggtga180
tcataggggt ctccaggcgc cggggtggat gaaggagggg cggggatggg ggggtttgt240
55 aagggggctg tagaaggcgg aaggaaggat gaaatttggg aggggggggg gggggtcac 299

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 5 (A) LÄNGE: 2263 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 10 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN  
 15
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:  
 20
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

25  
 attacgacaa ctcttctaca tgtaagaaag gaaaggtatt ccctgggaag atttcagtga 60  
 cagtatcaga aacatttgac ccagaagaga aacattccat ggcctatcaa gacttgcata 120  
 gtgaaattac tagcttggtt aaagatgtat ttggcacatc tgtttatgga cagactgtaa 180  
 ttcttactgt aagcacatct ctgtcaccaa gatctgaaat gcgtgctgat gacaagtgtg 240  
 30 ttaatgtaac aatagtaaca attttggcag aaaccacaag tgacaatgag aagactgtga 300  
 ctgagaaaaat taataaagca attagaagta gctcaagcaa ctttctaaac tatgatttga 360  
 cccttcgggtg tgattattat ggctgttaacc agactgcgga tgactgcctc aatgggttag 420  
 catgcgattg caaatctgac ctgcaaaggc ctaaccacac gagccctttc tgcgttgctt 480  
 ccagtctcaa gtgtcctgat gcctgcaacg cacagcacaa gcaatgctta ataaagaaga 540  
 35 gtggtggggc ccctgagtggt gcgtgctgct ccggctacca ggaagatgct aatgggaact 600  
 gccaaaagtg tgcatttggc tacagtggac tcgactgtaa ggacaaattt cagctgatcc 660  
 tcactattgt ggccaccatc gctggcattg tcattctcag catgataatt gcattgattg 720  
 tcacagcaag atcaataaac aaaacgaagc atattgaaga agagaacttg attgacgaag 780  
 actttcaaaa tctaaaactg cggctcgacag gcttcaccaa tcttggagca gaagggagcg 840  
 40 tctttcctaa ggtcaggata acggcctcca gagacagcca gatgcaaat ccctattcaa 900  
 gacacagcag catgccccgc cctgactatt agaatacata gaatgtggaa cccgccatgg 960  
 cccccaacca atgtacaagc tattatttag agtggttaga aagactgatg gagaagttag 1020  
 caccagtaaa gatctggcct ccgggggtttt tcttccatct gacatctgcc agcctctctg 1080  
 aatggaagtt tgtaatgttt gcaacgaatc cagctcactt gctaaataag aatctatgac 1140  
 45 attaaatgta gtagatgcta tttagcgttg tcagagaggt ggttttcttc aatcagtaca 1200  
 aagtactgag acaatgggta gggttggttt cttaattctt ttcttggttag ggcaacaaga 1260  
 accatttcca atctagagga aagctcccca gcattgcttg ctcttgaggc aacattgctc 1320  
 ttgagttaag tgacctaat cccctgggag acatacgcat caactgtgga ggtccgaggg 1380  
 gatgagaagg gatacccacc acctttcaag ggacacaagc tcactctctg acaagtcaag 1440  
 50 atagggacac tgcttctatc cctccaatgg agagattctg gcaacctttg aacagcccag 1500  
 agcttgcaac ctgacctcac ccaagaagac tggaaagaga catatctctc agctttttca 1560  
 ggaggcgtgc ctgggaatcc aggaactttt tgatgctaata tagaaggcct ggactaaaaa 1620  
 tgtccactat ggggtgcact ctacagtttt tgaaatgcta ggaggcagaa ggggcagaga 1680  
 gtaaaaaaca tgacctggta gaaggaaagag aactgggtgg ggaggatcaa 1740  
 55 ttagagagga ggcacctggg atccaccttc ttcttaggt cccctcctcc atcagcaaa 1800  
 gagcacttct ctaatcatgc cctcccgaag actggctggg agaaggttta aaaacaaaaa 1860  
 atccaggagt aagagcctta ggtcagtttg aaattggaga caaactgtct ggcaaaagggt 1920

gagagagggga gcttgtgctc aggagtccag ccgtccagcc tcgggggtgta ggtttctgag1980  
 gtgtgccatt ggggcctcag ccttctctgg tgacagaggg tcagctgtgg ccaccaacac2040  
 acaaccacac acacacaacc acacacacaa atggggggcaa ccacatccag tacaagcttt2100  
 taaaaatgtt attagtgtcc .ttttttatct ctaatgcctt gtcctcttaa aagttatttt2160  
 5 atttgttatt attatttgtt cttgactgtt aattgtgaat ggtaatgcaa taaagtgcct2220  
 ttgttagatg gtgaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 2263

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

## 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1284 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

aaaaatgggc taaactagct ccagagaact tgtgaattct ttgctaaagc ctctggcaaa 60  
 aacggcattt gatgaagcaa ttgctgaatt ggatacgtg aatgaagagt cttataaaga 120  
 cagcactctg atcatgcagt tacttaggga caatctcact ctgtggacat cggaaaacca 180  
 35 gggagacgaa ggagacgctg gggagggaga gaactaatgt ttctcgtgct ttgtgatctg 240  
 ttcagtgtca ctctgtacct tcaacatata tcccttgtgc gataaaaaaa aaaaaaaaaa 300  
 aaaaaagagt cgtacgtcga ctttcgattt ttcacagcct cagcctagga aaaaatgggtc 360  
 atgggataaa cagctgggat ttgtatctaa aactcagatt ggtcacataa atgccacggc 420  
 attccgaagt tttgattttg attaacattg acaggattac tgtgtgttta attttttaa 480  
 40 aactgaacac tgtgattatg gggttttgta atttagcaga actcttactg gtagaaaaaa 540  
 tagacctgaa ttatgtgtaa ctttttgtaa ggtttaattc gatatacaaa taatcattga 600  
 aatacaattc cattgtaaag ttgtacagaa agttatagag attatattgt gatgctggaa 660  
 cttggagtga gacacacatc atttggcatt tgagttgaat ggtaattcac agtaatgctg 720  
 ccgttgttcg ggacttaaag acacttgacc tggttgggct gttgccactt aaaagtcat 780  
 45 gaccacaaat gtccacagtg tcttcctctg aggaaactcg aatcctgaaa tggaaattct 840  
 ttgtggcaga taactggctt atgacacctt gaaaagtcca agtgctcata taacacacca 900  
 cactgaaccc cctttcctac agcaatatgt tcaatattgt accaatttgc aacttgtgct 960  
 tcaatagtgg aatctacttt cattgttaac actgagctaa agaaaaaaag ccgtgtgttt1020  
 tatgaatgac cttatctgtt tcttgataaa tacctttaag aataatgtcc tgagtcaggc1080  
 50 gtggtgggtg gtgcactctag tcccaactat ttgggaggct gaggcaggag gatcgcttga1140  
 gccaggagt ttaaagctgc agtgccctgt ggttgacact gtgaataact gcactccagc1200  
 ctgggcaaca tagcgagacc tcatctccaa aaaagaaaaa aacacaaaag gatgtgtctg1260  
 taaggaggct ccctggggga ccag 1284

## 55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1335 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

```

gggtgacata atgacagggt aaatatattgt gattcattga ttaaataatta tttaaagaaa 60
tgtaaattca caataagggt tgaaaattat ttggtttcat ccattgtctc ttatttcagg 120
25 accaagcagc aaactgcagt agtttgtgaa ggattctaata atgggggttca ggaatagcct 180
ctcaacgcta ctaattcaga tctctcccag agaactactg gatttcctca taattgacaa 240
acatgagtga ccacctcttt gggtgggtac tgttagaaat ggctgtgtgc atgttttctg 300
gactttgccca gccaacagat ccctgccagg ttttggaat acttctatta cctcgtgct 360
acttttctgc agggataaaa cttttgaggt ggccagaccc agaacatcca aggattcctg 420
30 ttacagtgtc acagtataca ctgctcattt atcctattct catgtgcttt cttctttagt 480
aagattattt taagaaaata agtgatatatt aaagtccaaa gaggaatgat cacagttgta 540
taaggggtgt tttcccaact gaactctgat gtcagtcgac tgtgggtcag agctacaacc 600
atctgttttg tttgatgttt tgggtggtta cttacggagt ggggtagtg tgagacctaa 660
ttccctgtgc aaatgtctct tattccagaa atgtgcattt tgtcatctat aagcaagaaa 720
35 tatgggcata gcagctcttg gtttaaagt tggcataacc tgttcatggt tgttttaagc 780
tcaggtaaaag ataacctcct ctttctatga ctccagtttc cattcagggt atagtattat 840
tcaatagttg attttctttt taagctgggc aataaattga tgtttccaga tggtaacatg 900
ggagagggca tataggataa agatgagcaa attctaccct aaaaatgttc tagtagttca 960
caggaagaag atgaggttta ataactttca aggttaattct agattgacat tttgagggga1020
40 aaatgggctc ttgttctagt tgaagtgagc agagaaggct ataaattaat atgtaactta1080
cagcattcca gaggttaaaa ataactgatg cagatgtact tcttcagtgt gattcttcag1140
atcaaaacttt tacttttggc atagttaatt tcagaaaaat gtgctgtatg tgtgtgtgta1200
tgagggttgg tcttgcgtgat ctttcagtta gctctaaatt ctggcaactc cttgtaattc1260
ccatgtattt gataccatga accaatcatg ttgaatgcgt ttggtgatct ggggagcctc1320
45 ccccgctctc ccagg 1335

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1890 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

```

15 ggcttggtggc ggctctgcca caggggcagg tgttgagggg ctcccgggtcc ggctgcccgc 60
 gctccccgcg tccggaccgg gggctcccc tagcgccgct gaggagccgc ctctgcccgc 120
 caggagggcg caggagcggg actgagagcg cctggagggt cgagcagagg atagaaggac 180
 aaggacagaa tcaccagcac tggctgaagg taccttaaca tggggaatct tcttaaagtt 240
 ttgacatgca cagaccttga gcaggggcca aattttttcc ttgattttga aaatgccag 300
20 cctacagagt ctgagaagga aatttataat caggtgaatg tagtattaaa agatgcagaa 360
 ggcatcttgg aggacttgca gtcatacaga ggagctggcc acgaaatacg agaggcaatc 420
 cagcatccag cagatgagaa gttgcaagag aaggcatggg gtgcagttgt tccactagta 480
 ggcaaattaa agaaatttta cgaattttct cagagggttag aagcagcatt aagaggtctt 540
 ctggggagcct taacaagtac cccatattct cccaccagc atctagagcg agagcaggct 600
25 cttgctaacc agtttgca aattcttcat ttcacactcc ggtttgatga actcaagatg 660
 acaaatcctg ccatacagaa tgatttcagc tattatagaa gaacattgag tcgtatgagg 720
 attaacaatg taccggcaga aggagaaaat gaagtaata atgaattggc aaatcgaatg 780
 tctttgtttt atgctgaggc aactccaatg ctgaaaacct tgagtgatgc cacaacaaaa 840
 tttgtatcag agaataaaaa tttaccaata gaaaatacca cagattgttt aagcacaatg 900
30 gctagtgtat gcagagtcac gctggaacac ccggaataca gaagcagatt tacaatgaa 960
 gagacagtgt cattctgctt gagggtaatg gtgggtgtca taatactcta tgaccacgta1020
 catccagtgg gagcatttgc taaaacttcc aaaattgata tgaaagggtt tatcaaagtt1080
 cttaaggacc aacctcctaa tagtgtgaa ggtcttctaa atgctctcag gtacacaaca1140
 aaacatttga atgatgagac tacctccaag caaattaaat ccatgctgca ataacaattc1200
35 tggaataagc acctgctgta gacagaagac agtattctgc aatgactgag aatgcagttt1260
 tttagtgtat gcaattacta tctcatttat tcttgctttt atttcttttc tctgttcctc1320
 ttccctcttt tttaatcatg ttcttaagac ttcttttctg tgccaaaatc agtaaaagtt1380
 cactctgaag ggatatcatc ctttcaaacg ggccatctaa ggcagcta attgatgtgc1440
 attgggtgtc ctactgagaa aaattctgtg acttgaacta aatattttta aatgtggat1500
40 ttttttgaaa ctaattattt atattgtctc tcctgcatgg caaaactgcc tattctgtct1560
 tttaaaaacc ctcaatgact ttattttcta ctgcccgcct tttcatgtgc aacaaaaatg1620
 aaaatgttta aattaactgt gttgtacaaa tggtaaccaa cacaaaactt ttttaaat1680
 gtaatacttt tgtttaaagt tttaagtttg cattttgact ttttttgtaa ggatgtatgt1740
 tgtgtgttta acctttatta actaacgtta aaagctgtga tgtgtgcgta gaatattacg1800
45 tatgcatgtt catgtctaaa gaatggctgt tgatgataaa ataaaaatca gctttcattt1860
 ttctaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1829 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

```

15 gaccaacctg acgcagatcg agctgcgggg caaccggctg gagtgcctgc ctgtggagct 60
 gggcgagtgcc ccactgctca agcgacggc ttggtggtgg aggaggacct gttcaacaca 120
 ctgccaccgg aggtgaagga ggggtgtgg agggctgaca aggagcaggc ctgagcgagg 180
 ccggcccagc acagcaagca gcaggaccgc tgcccagtc tccaggcccgg aggggcaggc 240
 ctgactttct ccagaactcc cggacagcca ggacagcctc gtggctgggc aggagcctgg 300
20 ggccgcttgt ggtcaggcc agagcgagag gacagtatct gtggggctgg ccccttttct 360
 ccctctgaga ctacagctccc ccagggcaag tgcttgtgga ggagagcaag tctcaagagc 420
 gcagtatttg gataatcagg gtctcctccc tggaggccag ctctgcccc gggtctgagc 480
 tgccaccaga ggtcctggga ccctcacttt agttcttggg atttatttt ctccatctcc 540
 cacctccttc atccagataa cttatacatt cccaagaaag ttcagcccag atggaagggtg 600
25 ttcagggaaa ggtgggctgc cttttccctc tgccttatt tagcgatgcc gccgggcatt 660
 taacacccac ctggacttca gcagagtggg ccggggcgaa ccagccatgg gacggtcacc 720
 cagcagtgcc gggctgggct ctgcgggtgc gtccacggga gagcaggcct ccagctggaa 780
 agggcaggcc tggagcttgc ctcttcagta tttgtggcag ttttagttt ttgtttttt 840
 ttttttaatc aaaaaacaat ttttttaaaa aaaaaagctt tgaaaatgga tggtttgggt 900
30 attaaaaaga aaaaaaaaaa ttaaaaaaaa aaagacacta acggccagtg agttggagtc 960
 tcagggcagg gtggcagttt cccttgagca aagcagccag acgttgaaact gtgtttcctt1020
 tccctgggag cagggtgcag ggtgtcttcc ggatctggtg tgaccttggg ccaggagttc1080
 tatttgttcc tggggaggga gttttttttg gtgtcttgtt ttctttctcc tccatgtgtc1140
 ttggcaggca ctcatctctg tggctgtcgg ccagagggaa tgttctggag ctgccaaggaa1200
35 gggaggagac tcgggttggc taatcccccg atgaacgggt ctccattcgc acctccccctc1260
 ctcgctgctg ccctgcctct ccacgcacag tggttaaggag ccaagaggag ccacttcgcc1320
 cagactttgt tccccaccg cctgcggcat ggggtgtgtc agtgccaccg ctggcctccg1380
 ctgcttccat cagccttgtc gccacctggg ccttcatgaa gagcagacac ttagaggctg1440
 gtcgggaatg gggaggtgc ccctgggagg gcaggcggtg gttccaagcc ggttcccgctc1500
40 cctggcgctt ggagtgcaca cagcccagtc ggcacctggg ggctggaagc caccctgctt1560
 tagatcactc gggccccac cttagaaggg tccccgcctt agatcaatca cgtggacact1620
 aaggcacgtt ttagagtctc ttgtcttaat gattatgtcc atccgtctgt ccgtccattt1680
 gtgttttctg cgtcgtgtca ttgatataa tcctcagaaa taatgcacac tagcctctga1740
 caaccatgaa gcaaaaaatc gttacatgtg ggtctgaact ttagactcgt gtcacagtat1800
45 caataaaat ctataacaga aaaaaaaaaa 1829

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50

(A) LÄNGE: 2358 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

```

cgaaacgccg cggagtggagg cagttccgct ggctagtgtg tacgcggcga gcttctcccg 60
15 gcgcccgcgc ctcggctccc atagcgcccg cgacagggtc cggacgcccgc ccgaacatgg 120
actccgcggc ccaagatata aacctgaatt ctctaacaag aggtctgctg tctgactcca 180
tgacggatgt tctgtgcgac acaggtgtgg ctgcccggac tcctgctgtt gagggctctga 240
cagaggctga ggaggaggag ctacgggctg agcttaccac ggtggaagag gaaattgtca 300
ctctgcgcga ggtcctggca gccaaaggaga ggcaactgtg agagctcaag aggaggctgg 360
20 gcctctccac cctgggggag ctgaaacaga acctgtccag gagctggcat gacgtgcagg 420
tctctagcgc ctatgtgaaa acttctgaga aacttggaga gtggaatgag aaagtgaccc 480
agtacagcct ctacaagaag actcaggaaa ctctttcaca ggcaggacag aagacttcag 540
ctgccctgtc cacagtgggc tctgccatca gcaggaagct tggagacatg aggaactctg 600
cgaccttcaa gtcgtttgag gaccgagttg ggaccataaa gtctaagggt gtgggtgaca 660
25 gagagaacgg cagtgcacac ctcccttccct cagcggggag tgggtgacaag cccctgtcgg 720
atcccgccac tttctaagcc tgtggttgct tcacccgctg cagagcacac gcaaccacag 780
ctcagcatca cagccgcagc tctgttcagc ggagcagcca gccaggggcg atgacagag 840
ccggccctga ggacagtcct gcccatccac gcggagatgt ggctgccgcg tttgcatgaa 900
tttgaagaac acaggcttgt acacagatgt ttactactca cgtttgtaga tgaaacagat 960
30 cactgtgctg tccttccctag ggtgtcagga agtgagacag gcggagggtt tgaaagaata 1020
ttgagcaca gcccaggctc cctttgggaa tcatgttagc ccatcagaat gttgaaggat 1080
tgaagagttc taagcataaa ataagtggca tttctgact tcttccctcc cctccttccc 1140
tgactcacag aaggaatgca atcaccacgc aagtcctacc tgttacgcaa ttttttatct 1200
caaaatgccg aacgagaaaa ctgtccattt tctgagaccc ccagaaagga aactgacctt 1260
35 cagcagctgc ctgattgtta cgcgaatcta gctttaacgg aagcaaatte attatttttt 1320
aaatgcagtg gacttttcaa aaagttttaa ttaggcaaa cagcttttagc ctcatagaa 1380
attatttctt tggactcaag ctgaaataca agccttacat tgccctatgc tttatttctt 1440
tctaattttt atatgtatat agatgagggt tccttaatgg ttgtgagcat tgtgtggaat 1500
tttacacctg gcctgcgtgg cagcctcttc cagttgaggt gttttatgtc acgcacactc 1560
40 catcccagtg tacaaaacct gcttctcttc tcaaccgtgg cagctcccg tggtcctat 1620
gccctgccct aaagggtctt tgagcctctg ggaatgggag gggccaagag aaggaaaacc 1680
ctgtctttag caccctttaa aagaactgtg ccccccctct cagtgtgcc tttgcatggg 1740
cctggcccgg ctgcattcgc tcagtgaact caaccctcct gcttgcgtga ctgggatgaa 1800
45 aacagcccca caggtcaggt ggagggtggg gcgtgggcat cagccaggat tgccgttaca 1860
gtctttttct caggagctac aaagatctct tcctgttact aaatggctgc accccagcag 1920
cctctctcgc acaccggggc cctgcatgtc agatggcgtg gtctgcaggg ggagctctgt 1980
gccttagtgg ctcttggcag gacactgagg gcctgcctgt ggtgtgcccg gctctgccac 2040
tcccggaggg ggaagggtct ctacagctcaa ggtgtcctgt tcggtagagc aagtgtcctc 2100
50 tgacagccgt gtcccgggac agttcagaca cccttgggga tggcactcca cacacgacag 2160
agatgcaggg gccagggaag cccagcgctc ggtgcccttc gtccagggtt aaaatcggcc 2220
tgtgggtgtt ggtgagaagg caggttgtgc gggtgttgac cgatgtatct tttccttaaa 2280
gttattataa taatgggtaa tttgtcaata aagcattcct ttgggggaaa aaaaaaaaaa 2340
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2358

```

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1646 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

```

20 cagctgcgga actgcgcgat tgtgggtccc gccgtatttc ccgttcccca tctagtaact 60
 cccatctcag cccacgtatc tccctgagtg gaaatctcgg gccccagacc agtcgattgg 120
 gaggtccgcc ctccccctca gcgacttggt ctgtgttttg gcagttgccg cgacaacagt 180
 cacttccggg aaggggggtc gcgaatctcc ttccgtcggc ccgctcagaa tcagctgtcc 240
 tctcagactg tgtgggtggt ttccccggcc gcagctccgt acgggcttgg attgctgggc 300
25 ctcggtgcac cccagcctcc cccactcggg ttctgagctt gagctggcgg ctctttaact 360
 ctgcttcact gttgctcttg gcaacatcca ctccggggag cgagtgccgt ttcccccgct 420
 caccgcgggc tagggagcgt gggattccgg actgtgagcg gctgttagtg cgtcgagct 480
 gctggcgatc cggcgaccct cggccggcag gaccgcggg ccacgcagcc ggggccttct 540
 caacgcctca gtacctcggc gggaccgcca tggttctgct gcacgtgaag cggggcgacg 600
30 agagccagtt cctgctgcag gcgcctggga gtaccgagct ggaggagctc acggtgcagg 660
 tggccccggg ctataatggg cggctcaagg tgcagcgct ctgctcagaa atggaagaat 720
 tagccgaaca tggcatattt ctccctccta atatgcaagg actgaccgat gatcagattg 780
 aagaattgaa attgaaggat gaatgggggt aaaaatgcgt acccagcgga ggtgcagtgt 840
 ttaaaaagga tgatattgga cgaaggaatg ggcaagctcc aaatgagaag atgaagcaag 900
35 tgttaaagaa gactatagaa gaagccaaag caataatc taagaaacaa gtggaagccg 960
 gtgtctgtgt taccatggag atgggtgaaag atgccttggg ccagcttcga ggcgcggtga 1020
 tgattgttta ccccatgggg ttgccaccgt atgatcccat ccgcatggag tttgaaaata 1080
 aggaagactt gtcgggaaca caggcagggc tcaacgtcat taaagaggca gaggcgact 1140
 gtggtgggca gccaaaggagc tgagaagaac gaagaagctt tcagactacg tggggaagaa 1200
40 tgaaaaaacc aaaattatcg ccaagattca gcaaagggga cagggaagctc cagcccgaga 1260
 gcctattatt agcagtgagg agcagaagca gctgatgctg tactatcaca gaagacaaga 1320
 ggagctcaag agattggaag aaaatgatga tgatgcctat ttaactcac catggcgga 1380
 taacactgct ttgaaaagac attttcatgg agtgaaagac ataaagtgga gaccaagatg 1440
45 aagttcacca gctgatgaca cttccaaaga gattagctca ctttctcct aggcaattat 1500
 aatttaaaaa aaaaaaaaag gccacttact gccctctgta aaagatgtta acatttctag 1560
 ttttctttta gtgtgaattt ttaaaatagc agttattcaa ggttttagaa cttataaat 1620
 acctagtcag aagaaaaaaa aaaaaa 1646

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 3096 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
55 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

```

cgccgggtgacg cgacgacggc tcgacacttt gctacggagt gcatcggacg tcgaagccta 60
gagtctctgc gtctttccct cttccgctgc ctcattcctt tccttcctag ccttggctgt 120
cgccgccacc atgaacaaga agaagaaacc gttcctaggg atgcccgccg ccctcggcta 180
20 cgtgccgggg ctgggcccgg gcgccactgg cttcaccacg cggtcagaca ttgggcccgc 240
ccgtgatgca aatgaccctg tggatgatcg ccatgcaccc ccaggcaaga gaaccgttgg 300
ggaccagatg aagaaaaatc aggtctgtga cgatgacgac gaggatctaa atgacaccaa 360
ttacgatgag tttaatggct atgctgggag cctcttctca agtggaccct acgagaaaga 420
tgatgaggaa gcagatgcta tctatgcagc cctggataaa aggatggatg aaagaagaaa 480
25 agaaagacgg gagcaaaagg agaaagaaga aatagagaaa tatcgtatgg aacgccccaa 540
aatccaacag cagttctcag acctcaagag gaagtggca gaagtcacag aagaagagtg 600
gctgagcatc cccgaggttg gcgatgccag aaataaacgt cagcggacc cagcctatga 660
gaagctgacc cctgttccct acagtttctt tgccaaacat ttacagaccg gagagaacca 720
tacctcagtg gatccccgac aaactcaatt tggaggtctt aacacaccct atccaggtgg 780
30 actaaacact ccatacccag gtggaatgac gccaggactg atgacacctg gcacagttag 840
ctggacatga ggaagattgg ccaagcgagg aacactctga tggacatgag gctgagccag 900
gtgtctgact ccgtgagtgg acagaccgtc gttgacccca aaggctacct gacggattta 960
aattccatga tcccagacaca cggaggagac atcaatgata tcaagaaggc gcgactgctc1020
ctcaagtctg ttcgggagac gaacctcat caccgcccag cctggattgc atcagcccgc1080
35 ctggaagaag tcaactggaa gctacaagta gctcggaaac ttatcatgaa ggggacggag1140
atgtgcccc aagagtgaaga tgtctggctg gaagcagcca ggttgacgcc tggggacaca1200
gccaaaggcc tggtagccca agctgtccgt catctccac agtctgtcag gatttacatc1260
agagccgcag agctggaaac ggacattcgt gcaaagaagc gggttcttcg gaaagccctc1320
gagcatgttc caaactcggg tcgcttgtgg aaagcagccg ttgagctgga agaacctgaa1380
40 gatgctagaa tcatgctgag ccgagctgtg gagtgtgtcc ccaccagcgt ggagctctgg1440
cttgctctgg caaggctgga gacctatgaa aatgcccgcg aggtcttgaa caaggcgccg1500
gagaacattc ctacagaccg acatatctgg atcacggctg ctaagctgga ggaagccaat1560
gggaacacgc agatgggtga gaagatcatc gaccgagcca tcacctcgct gcgggccaac1620
ggtgtggaga tcaaccgtga gcagtggatc caggatgccg aggaatgtga cagggtggg1680
45 agtgtggcca cctgccaggc cgatcatgct gccgtgattg ggattgggat tgaggaggaa1740
gatcggaagc atacctggat ggaggatgct gacagttgtg tagcccaca tgccctggag1800
tgtgcacgag ccactctacg ctacgccctg caggtgttcc ccagcaagaa gagtgtgtgg1860
ctgcgcgccg cgtacttcga gaagaacat ggactcggg agtccctgga agcactcctg1920
cagagggctg tggccactg ccccaaagca gagggtgtgt ggctcatggg cgccaaagtcc1980
50 aagtggctgg caggggatgt gcctgcagca aggagcatcc tggccctggc cttccaggcc2040
aaccccaaca gtgaggagat ctggctggca gccgtgaagc tggagtccga gaatgatgag2100
tacgagcggg ccggaggct gctggccaag gcgcggacag tgccccacc gcccggtgt2160
tcatgaagtc tgtgaagctg gagtgggtgc aagacaacat cagggcagcc caagatctgt2220
gagaggaggc cctgcggcac tatgaggact tcccaaagct gtggatgatg aaggggcaga2280
55 tcgaggagca gaaggagat atggagaagg cgcggaagc ctataaccag ggggtgaaga2340
agtgtcccca cccacacccc ctgtgtgctt tgcctctctg gctggaggag aagattggggc2400
agcttactcg agcacgggcc attttggaag agtctcgtct gaagaaccca aagaacctgt2460
ggctgtgggt ggagtcctgt cggtggagt accgtgcggg gctgaagaac atcgcaata2520
cactcatggc caaggcgtg caggagtgcc ccaactccgg tatcctgtgg tctgaggcca2580

```

tcttcctcga ggcaaggccc cagaggagga ccaagagcgt ggatgccctg aagaagtgtg2640  
 agcatgaccc ccatgtgctc ctggcgtgg ccaagctgtt ttggagtcag cggaagatca2700  
 ccaaggccag ggagtgggtc caccgcactg tgaagattga ctccgacctg ggggatgcct2760  
 gggccttctt ctacaagttt gagctgcagc atggcactga ggagcagcag gaggaggtga2820  
 5 ggaagcgctg tgagagtga gagcctcggc atggggagct gtggtgcgcc gtgtccaagg2880  
 acatcgccaa ctggcagaag aagatcgggg acatccttag gctggtggcc ggccgcatca2940  
 agaacacctt ctgattgagc ggttgccatg gccggtctcc gtggggcagg gttgggcccgc3000  
 atgtggaagg gctctgagct gtgtcctcct tcattaaaag tttttatgtc tcgtgtcaga3060  
 aaaaaaaga aaagaaaaa gggggcgccc gggggc 3096

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

15

(A) LÄNGE: 1906 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

35 ggcgtcgctg aggcaagagg agggcactcg gccgcggcct gacagggact tagcccacag 60  
 agaccggccc gcgcgcgcga cccacacccc acccactcgt ccacctaccc actcccgcg 120  
 ccgcctcctc ccacctgag cagagccacc gaggatgata aacacccagg acagtagtat 180  
 tttgccgttg agtaagtgtc cccagctcca gtgctgcagg cacattgttc cagggcctct 240  
 gtggtgctcc tgatgcccct caccactgt cgaagatccc cggtagggcga gggggcgcca 300  
 40 gggatccttc tctctcagct ctaatatata aggacgagaa gctcactgtg acccaggacc 360  
 tcctgtgaa tgatggaaaa cctcacatcg tccacttcca gtatgaggtc accgaggtga 420  
 aggtctcttc ttgggatgca gtccgtgtcca gccagagcct gttttagtaa atcccagatg 480  
 gattattagc tgatgggagc aaagaaggat tgtagcact gctagagttt gctgaagaga 540  
 agatgaaagt gaactatgtc ttcactgtct tcaggaaggg ccgagaagac agagctccac 600  
 45 tcctgaagac cttcagcttc ttgggctttg agattgtacg tccaggccat ccctgtgtcc 660  
 cctctcggcc agatgtgatg ttcattggtt atccctgga ccagaacttg tccgatgagg 720  
 actaatagtc atagaggatg ctttacccaa gagccacagt gggggaagag ggggaagttg 780  
 gcagccctgg gacagacgag agggctcctc gctgtctagg gaaggacact gaggggctca 840  
 gggtaggggt tgcctattgt gttctcggag ttgactcgtt gaaattgttt tccataaaga 900  
 50 acagtataaa catattatc acatgtaatc accaatagta aatgaagatg tttatgaact 960  
 ggcattagaa gctttctaaa ctgcgctgtg tgatgtgttc tatctagcct aggggaggac1020  
 attgcctaga gggggaggga ctgtctgggt tcaggggcat ggcctggagg gctggtgggc1080  
 agcactgtca ggctcagggt tccctgtgtg ttgctttctg ttttggttat taagacttgt1140  
 gtattttctt tctttgcttc ctgtcacccc aggggtcct gagtataggc ttttcagtccl1200  
 55 ctgggcagtg tccttgagtt gtttttgac actcttacct gggcttctct gtgtgcattt1260  
 gcgtctggcc tggagtaagc aggtccgacc cctccttctt tacagcttag tgttattctg1320  
 gcatttggtt aagctggctt aatctgttta atgttatcag tacattttta ataggggcat1380

tgaattttac tcccaccacc agggcctttt tgggggatgc ctgggccttt aaaacactag1440  
 ccaaaactcta attaatcttc aaatcactgc caggagttct tgctcctggc tgcaggccca1500  
 ggccccaagg tctccttctt ggggtcacaa acagcagtaa ggaagaggaa tatatagcaal560  
 5 ctcagggcct ggaattgtg gggcaatccg ttcttaggga ctggatactt ctggctggct1620  
 gagtatagta ctactgcct ccccaccagg ttccgagtag tgtctgagac tctgctctgc1680  
 agggcctagg gtagcgctgg gagtgtagaa gtggcctgcc cttaactgtt ttcactaaac1740  
 agctttttct aaggggagag caagggggag agatctagat tgggtgaggg ggacggggat1800  
 gtcaggagg caagtgtgtt gtgttactgt gtcaataaac tgatttaaag ttgtaaaaa1860  
 10 aaaagaaagg gggggggtgg aggggaggga gggggaaaaa aaaaaa 1906

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 15 (A) LÄNGE: 349 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 20 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 25 (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

35 gctaagagga caagatgagg cccggcctct catttctcct agcccttctg ttcttccttg 60  
 gccaaagtgc aggggatttg ggggatgtgg gacctccaat tcccagcccc ggcttcagct120  
 ctttcccagg tggtgactcc agctccagct tcagctccag ctccaggctg ggctccagct180  
 ccagccgcag cttaggcagc ggaggttctg tgtcccagtt gttttccaat ttcaccggct240  
 ccgtggatga ccgtgggacc tgccagtgtc ctgtttccct gccagacaac aactttcccg300  
 40 tggacagagt ggaacgttgg aattcacagc tcatagtatt ttctcagag 349

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 45 (A) LÄNGE: 2142 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 50 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

```

cagacccaga aagtagtgac cagccctcct cggattaccc ttcattggct cctcccttgc 60
gccgcccacc ctccagattt gcataaaaaa ggccaagaaa actctggctg tgccccagca 120
acggctcatt ctgctccccc gggtcggagc ccccggagc tgcgcgcggg cttgcagcgc 180
15 ctgccccgcg ctgtctctcc ggtgtccgcg ttctccgcgc ccagccgcgc ggctgccagc 240
ttttcggggc cccgagtcgc acccagcgaa gagagcgggc ccgggacaag ctcgaactcc 300
ggcgcgctcg ccttcccccg gctccgctcc ctctgccccc tcggggctcg gcgcccacga 360
tgctgcaggg ccctggctcg ctgctgctgc tcttctctcg ctgcactgc tgccctgggt 420
cggcgcgcgg gctcttctct tttggccagc ccgacttctc ctacaagcgc agaattgcaa 480
20 gcccatcccc gccaacctgc agctgtgcca cggcatcgaa taccagaaca tgcggctgcc 540
caacctgctg ggccacgaga ccatgaagga ggtgctggag caggccggcg cttggatccc 600
gctgggtcatg aagcagtgcc acccggacac caagaagttc ctgtgctcgc tcttcgcccc 660
cgtctgcctc gatgacctag acgagacat ccagccatgc cactcgctct gcgtgcaggt 720
gaaggaccgc tgcgccccgg tcatgtccgc cttcggcttc ccctggcccc acatgcttga 780
25 gtgcgaccgt ttcccccagg acaacgacct ttgcatcccc ctcgctagca gcgaccacct 840
cctgccagcc accgaggaag ctccaaaggt atgtgaagcc tgcaaaaata aaaatgatga 900
tgacaacgac ataattgaaa cgctttgtaa aaatgatttt gcaactgaaa taaaagtga 960
ggagataacc tacatcaacc gagataccaa aatcatcctg gagaccaaga gcaagaccat 1020
ttacaagctg aacggtgtgt ccgaaaggga cctgaagaaa tcggtgctgt ggctcaaaga 1080
30 cagcttgcatg tgcacctgtg aggagatgaa cgacatcaac gcgccctatc tggctcatggg 1140
acagaaacag ggtggggagc tggatgacac ctcggtgaag cgggtggcaga aggggcagag 1200
agagttcaag cgcactctcc gcagcatccg caagctgcag tgctagtccc ggcatcctga 1260
tggctccgac aggcctgctc cagagcacgg ctgaccattt ctgctccggg atctcagctc 1320
ccgttcccc aacacactcc tagctgctcc agtctcagcc tgggcagctt cccctgctc 1380
35 tttgcaggtt tgcaccccc gcatttccctg agttataagg ccacaggagt ggatagctgt 1440
tttcaacctaa aggaaaagcc caccgaatc ttgtagaaat attcaaacta ataaaatcat 1500
gaatatTTTT atgaagtTTT aaaatagctc actttaagc tagttttgaa taggtgcaac 1560
tgtgacttgg gtctgggttg ttgttgtttg ttgttttgag tcagctgatt ttcacttccc 1620
actgaggttg tcataacatg caaattgctt caattttctc tgtggcccaa acttggtgg 1680
40 cacaaccctt gttgagataa agctggctgt tatctcaaca tcttcatcag ctccagactg 1740
agactcagtg tctaagtcctt acaacaattc atcatTTTT accttcaatg ggaacttaaa 1800
ctgttacatg tatcacattc cagctacaat acttccattt attagaagca cattaaccat 1860
ttctatagca tgatttcttc aagtaaaagg caaaagatat aaattttata attgacttga 1920
gtactttaag cctgttttaa aacatttctt acttaacttt tgcaaattaa acccattgta 1980
45 gcttacctgt aatatacata gtagtttaac tttaaaagtt gtaaaaatat tgctttaacc 2040
aacactgtaa atatttcaga taaacattat attcttgtat ataaacttta catcctgttt 2100
tacctataaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaggg aa 2142

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

50

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1111 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editi rung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

```

15 cgtgggacgaa catgggagct gttcctcgcg ggccgcggg tgctggtcac cggggcaggc 60
 aaaggtatag ggcgcgccac ggtccaggcg ctgcacgcga cgggcgcgcg ggtgggtggct 120
 gtgagccgga ctcaggcgga tcttgacagc cttgtccgcg agtgcccggg gatagaaccc 180
 gtgtgcgtgg acctgggtga ctgggaggcc accgagcggg cgctgggcag cgtgggcccc 240
 gtggacctgc gcggagactg cgccgacatg gagctgttcc tcgcgggccg ccgggtgctg 300
20 gtcaccgggg caggcaaagg tataggcgcg ggcacgggtcc aggcgctgca cgcgacgggc 360
 gcgcgggtgg tggctgtgag ccggactcag gcggatcttg acagccttgt ccgcgagtgc 420
 ccggggatag aaccctgtgt cgtggacctg ggtgactggg aggccaccga gcgggcgctg 480
 ggacgcgtgg gcccctgtga cctgctgtgt aacaacgcg ctgtcgccct gctgcagccc 540
 ttcctggagg tcaccaagga ggcctttgac agatcctttg aggtgaacct gcgtgcggtc 600
25 atccaggtgt cgcagattgt ggccaggggc ttaatagccc ggggagtgcc agggggccatc 660
 gtgaatgtct ccagccagtg ctcccagcgg gcagtaacta accatagcgt ctactgctcc 720
 accaagggtg ccctggacat gctgaccaag gtgatggccc tagagctcgg gccccacaag 780
 atccgagtga atgcagtaaa cccacagtg gtgatgacgt ccatgggcca ggccacctgg 840
 agtgaccccc acaaggccaa gactatgctg aaccgaatcc cacttgcaa gtttgctgag 900
30 gtagagcacg tggatgaacg catcctcttt ctgctgagt accgaagtgg catgaccacg 960
 ggttccactt tgcgggtgga agggggcttc tgggcctgct gagctccctc cacacacctc 1020
 aagcccatg ccgtgctcat cctaccccca atccctcaa taaacctgat tctgctgccc 1080
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa g 1111

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 657 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

5 attttaaagcc tggattgtaa ccagattttc ttttttcccc cttctcagct gtagatatga 60  
 tatctccttt cagggcccca gcttaagggc aaagtgagtt aatgtgtaga caaaggcgag120  
 ggacaagaga gagttaacat ctagacagtg gaaaaagcca tgggtgtgtg tttctggga180  
 ccaccaacac ttgcaggttt agctttttcc cagggttgac tacaagaaag aaaaccatgt240  
 ttttgcaaga ttaaaatgtg gttgagtggt cctaaattaa ccatcccat tttatcata300  
 tttccaccat cacttcaggg ttttaagagt cagtgtcac ctgggaggac tggtagtaca360  
 10 ttttgcttct tagaaagcta agtcctgggt tccgtctgat tttagggtcc aggaacttcc420  
 tgagaacacc cgatcgaga gggtaatatt ctggagtttg ttttgaggg atagctggga480  
 gtatggccac cctgctccac gatgcggtaa tgaatccagc agaagtgggt aagcagcgct540  
 tgcagatgta caactcgag caccggtcag caatcagctg catccggacg gtgtggagga600  
 ccgaggggtt gggggccttc taccggagct acaccacgcc gagccctatc tcgtgcc 657

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 863 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- 30 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

40 gcggctcggtg gtgcggcgct gtttaaagat ggcggcggag gaacctcagc agcagaagca 60  
 ggagccgctg ggcagcgact ccgaaggtgt taactgtctg gcctatgatg aagccatcat120  
 ggctcagcag gaccgaattc agcaagagat tgctgtgcag aaccctctgg tgcagagcg180  
 gctggagctc tcggtcctat acaaggagta tgctgaagat gacaacatct atcaacagaa240  
 gatcaaggac ctccacaaaa agtactcgta catccgcaag accaggcctg acggcaactg300  
 45 tttctatcgg gctttcggat tctcccactt ggaggcactg ctggatgaca gcaaggagtt360  
 gcagcggttc aaggctgtgt ctgccaaagag caaggaagac ctgggtgtccc agggcttcac420  
 tgaattcaca attgaggatt tccacaacac gttcatggac ctgattgagc aggtggagaa480  
 gcagacctct gtcgcccagc tgctggcctc cttcaatgac cagagcacct ccgactacct540  
 tgtggtctac ctgcggctgc tcacctcggt ctacctgcag cgcgagagca agttcttcca600  
 50 gcacttcatac gaggtggag ggactgtcaa ggagttctgc cagcaggagg tggagcccat660  
 gtgcaaggag agcgaccaca tccacatcat tgcgctggcc caggccctca gcgtgtccat720  
 ccaggtggag tacatggacc gcggcgaggg cggcaccacc aatccgcaca tcttccctga780  
 gggcttccga gcccaaggct ttacctgtt ttaaccggct tggggcaatt taggtattgc840  
 tttttacaaa taggggtttg gtt 863

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1015 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

```

aattcggaac gagggcgccct gcaagccatg atgaccacc tgcatgtgaa gtctacagaa 60
cccaaagctg cccctcagcc cctgaatctg gtatcaagtg tcaccctctc caagtccgca 120
tcggaggctt ctccacagag cttacctcat actccaacga cccaaccgc cccctgact 180
cccgtaaccc aaggcccctc tgtcatcaca accaccagca tgcacacggt gggaccatc 240
cgcaggcgggt actcagacaa atacaacgtg cccatttcgt cagcagatat tgcgcagaa 300
caagaatttt ataagaacgc agaagttaga ccaccattta catatgcata ttaattagg 360
caggccattc tcgaatctcc agaaaagcag ctaacactaa atgagatcta taactgggtc 420
acacgaatgt ttgcttactt ccgacgcaac gcggccacgt ggaagaatgc agtgcgatc 480
aatcttagtc ttcacaagtg ttttgtgcga gtagaaaacg ttaaaggggc agtatggaca 540
gtggatgaag tagaattcca aaaacgaagg ccacaaaaga tcagtggtaa cccttccctt 600
attaaaaaca tgcagagcag ccacgcctac tgcacacctc tcaatgcagc tttacaggct 660
tcaatggctg agaatagtat acctctatac actaccgctt ccatgggaaa tccactctg 720
ggcaacttag ccagcgcaat acgggaagag ctgaacgggg caatggagca taccaacagc 780
aacgagagtg acagcagtc aggcagatct cctatgcaag ccgtgcatcc tgtacacgtc 840
aaagaagagc cctcgcagtc agaggaagct gaagggcccc tgccttagt gacaacagcc 900
aaccacagtc cagattttga ccatgacaga gattacgaag atgaaccagt aaacgaggac 960
atggagtgac tatcggggcg ggccaacccc gagaatgaag attggaaaaa aaaaa 1015

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 2532 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

```

gctc gatgtg caagtgaagg atgattccag ggccctgact ttaggagcac tgacgctgcc 60
tctggccccg ctgctgactg cccagaaact catcctggac cagtgggtcc agctcagcag 120
ctctgggtcca aactccagac tctatatgaa actagtcatt aggatcctgt acttggattc 180
15 atcagaaata tgcttcccca cgggtgcctgg ttgtcctggt gcttgggacg tggacagtga 240
gaatccccag agaggcagca gtgtggatgc cccacctcga ccctgtcaca cgactcctga 300
tagccagttt gggactgagc atgtgcttcg gatccatgta ttagaggccc aggacctgat 360
tgccaaagac cgtttcttgg ggggactggg gaagggcaag tcagaccctt atgtcaaaact 420
aaagttaggca ggacgaagct tccggagcca tgttgttcgg gaagatctca atccccgctg 480
20 gaatgagggt tttgaggtga tcgtcacatc agttccaggc caagagctag aggttgaagt 540
ctttgacaag gacttggaac aggatgattt tctgggcagg tgtaaagtgc gtctcaccac 600
agtcttaaac agtggcttcc ttgatgagtg gctgaccctg gaggatgtcc catctggccg 660
cctgcacttg cgcctggagc gtctcaccac ccgtccact gctgctgagt tagaggaggt 720
gctgcaggtg aatagtttga tccagactca gaagagtgcg gagctggctg cggccctgct 780
25 atccatctat atggagcggg cagaggacct cccgctgcga aaaggcacca agcacctcag 840
cccttatgct actctcactg tgggagatag ttctcataaa accaagacta tttcgcaaac 900
ttcagccctt gctctgggatg agagtgcctc ctttctcatc aggaaccac acactgagag 960
cctagagttg caggttcggg gtgagggcac tggcgtgctg ggctcattat ccctgccctt 1020
ctcagagctc ctgctggctg accagctctg cttggaccgc tggtttacac tcagcagtggt 1080
30 tcaggggcag gtgctactga gagcacagct agggatcctg gtgtcccagc actcgggaggt 1140
ggaagctcat agccacagct acagccacag ctccctcatc ctgagtgaag aaccagagct 1200
ctcgggggga ccccttcaca tcacctctc agccccagag ctccggcagc gcctaacaca 1260
tgttgacagt ccccttgagg ctccagccgg gcctctgggc caggtgaaac tgactctgtg 1320
35 gtactacagt gaagaacgaa agctggctcag cattgttcat ggttgccggg cccttcgaca 1380
gaatggagct gatcctcctg atccctatgt gtcactgttg ctactgccag acaagaaccg 1440
aggcaccaag agggagacct cacagaagaa gaggaccctg agtctgaat ttaatgaacg 1500
gtttgagtgg gaactccccc tggatgaggc ccagagacga aagctggatg tctctgtcaa 1560
gtctaattcc tccttcatgt caagagagcg tgactgctgg ggaaggtgca gctggacct 1620
30 gctgagacag acctttccca ggggtgagcc cgggtggtatg acctgatgga caacaaggac 1680
aagggcagct cctaggagct ggcgagctcc agcctgactg ctctgtcttc ctgccttctg 1740
40 ctgctccat caccgctca atgtgatgag cctaaagcta ggggtccaag gcagagcctg 1800
tgcccttcag ccctttcacc taacaggccc atattcgggc ctttgccctg ccaaagagaa 1860
gaaccgtatg ttccctttac tgcacggcct ttatccttct gggccctgg ggccggggacc 1920
tgagctggct gtttctctgt ttgcctgcac attgttctcc cttcctccca actcctcagg 1980
45 gccttctgta tctgtgcctg gccagtggca gcactagcag tggatttagc ttatgcaaaa 2040
tacagctttg gaaggatctt tttttcttta actagatggt cacttcttcc cctaccacac 2100
atgggtggga aggtggacag gctaacctct ccagctgtga gcctcttaga ctactgcatg 2160
tagcaaatgt tcagcagctc agggccctat gtccagttct gtccccactg tcctcaaccc 2220
tgtcctgaaa attctactgc tttgatggct ggggccagtc tcttgtcact ttggaaactg 2280
50 aggacgcgtg gattctactc aagcctccaa gtatggcat atcagtcttg gactcctag 2340
ctggtgatac ggagagggtc ttggaggact tgggacagca gggccaattt ttttgcccaa 2400
gtgcctagc tgctaactca ctgactagaa cttaactctg tactttacag ttttgacca 2460
actctgccaa gccactggat cttacattaa acatcatact caaaaaaaaaa aaaaataaaa 2520
ataaaaaaaaaa aa 2532

```

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 776 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

20 tttttttttt tttttttttt tttttttttt ttttgagaca aagtctcact gtgtcaccca 60  
 gactggaatg cagtgcacaca atctcggctc actgaaacct ctgccttcca gggtcaagct120  
 attctcatgc ctcagcctct caagtagctg ggactacaga tgtgggccac catgtctggc180  
 taattttttt ttttttttgt agagacaggg ttctgccatg ttgacgagac tggctctgaa240  
 25 ctctggcct caagtgatct gccgcctcag cttctcaaag tactgggatt atataggcat300  
 gagccactga gcctggcct gaagcgttt tctcaaaggc ctcagtga ataaattaga360  
 tttggcatct cctgtcctgg gccagggatc tctctacaag agccctgcc cctctgttg420  
 aggcacagtt ttagaataag gagaggagg gagaagagaa aatgtaaagg agggagatct480  
 ttcccaggcc gcaccatttc tgtcactcac atggacccaa gataaaagaa tggccaaacc540  
 30 ctcaaaccc ctgatgtttg aagagtcca agttgaagg aaacaaagaa gtgtttgatg600  
 gtgccagaga ggggctgctc tccagaaagc taaaatttaa tttctttttt cctctgagtt660  
 ctgtacttca accagcctac aagctggcac ttgctaaca atcagaaata tgacaattaa720  
 tgattaaaga ctgtgattgc caccaaaaaa aaaaaaaca gccaggaaaa aaaggg 776

- 35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 629 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 40 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 50 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

```

5 cggctcgact tccgttactt gctgcggagg accgtgggca gccagggctg gtgaaggatc 60
 ccaaaatggc tgggcgaaaa cttgctctaa aaaccattga ctgggtagct tttgcagaga120
 tcatacccca gaaccaaag gccattgcta gtccctgaa atcctggaat gagaccctca180
 cctccagggt ggctgcttta cctgagaatc caccagctat cgactgggct tactacaagg240
 ccaatgtggc caaggctggc ttggtggatg actttgagaa gaagtttaat gcgctgaagg300
10 ttcccgtgcc agaggataaa tatactgcc aggtggatgc cgaagaaaaa gaagatgtga360
 aatcttgtgc tgagtgggtg tctctctcaa aggccaggat tgtagaatat gagaaagaga420
 tgagagaagat gaagaactta attccatttg atcagatgac cattgaggac ttgaatgaag480
 ctttcccaga aaccaaatta gacaagaaaa agtatcccta ttggcctcac caaccaattg540
 agaatttata aaattgagtc caggaggaag ctctggccct tgtattacac attctggaca600
15 ttaaaaataa taattataca aaaaaaaaaa 629

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 757 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

```

40 ggcggggagc agggggacac cagggtgaat caggaagacc cgaggggtgg cccccacct 60
 ttctccaccc acgcggcagg ttccagggtgc cctggctgga gtcagtcctc atcgtagtca120
 gcaacaacat tgacgaggag gcgctggccc gactggccca ggagggcagt gaggtgaatg180
 tcattggcat tggcaccagt gtggtcacct gcccccaaca gccttccctg ggtggcgtct240
45 ataagctggg ggccgtgggg ggccagccac gaatgaagct gaccgaggac cccgagaagc300
 agacgttgcc tgggagcaag gctgctttcc ggctcctggg ctctgacggg tctccactca360
 tggacatgct gcagtttagc gaagagccag tgccacaggc tgggcaggag ctgagggtgt420
 ggccctccagg ggcccaggag ccctgcaccg tgaggccagc ccagggtggag ccactactgc480
 ggctctgcct ccagcaggga cagctgtgtg agccgctccc atccctggca gagtctagag540
50 ccttggecca gctgtccctg agccgactca gccctgagca caggcggctg cggagccctg600
 cacagtacca ggtggtgctg tccgagaggg tgacggccct ggtgaacagt ctgtgtgcgg660
 ggcagtcgcc ctgagactcg gagcggggct gactggaaac aacacgaatc actcactttt720
 cccacacagga agaggaggtg aggggaagagg gggggcg 757

```

- 55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1262 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

```

aatttgttga agagtgatcc tccctcatcc tctgcaaaca ttccataggc gataggaaga 60
actatgcctc tgccaagctt tctgagttgc tgccagaaga agttgaagca gaagtgaag 120
cagctgcaga gatatcaatg ggaacagagg ttccagaaga agatatttgc aatattctgc 180
atctttgcac ccaggtgatt gaaatctctg aatatcgaac ccagctctat gaatatctac 240
aaaatcgaat gatggccatt gcacccaatg ttacagtcac gggtggggaa ttagttggag 300
cacggcttat tgctcatgca ggttctcttt taaatttggc caagcatgca gcttctaccg 360
ttcagattct tggagctgaa aaggcacttt tcagagccct caaatctaga cgggataccc 420
ctaagtatgg tctcatttat catgcttcac tcgtgggcca gacaagtccc aaacacaaag 480
gaaagatttc tcgaatgctg gcagccaaaa ccgttttggc tatccgttat gatgcttttg 540
gtgaggattc aagttctgca atgggagttg agaacagagc caaattagag gccagggttg 600
gaacttttga agacagaggg ataagaaaaa taagtgggaa aggaaaagca ttagcaaaaa 660
cagaaaaata tgaacacaaa agtgaagtga agacttacga tccttctggt gactccacac 720
ttccaacctg ttctaaaaaa cgcaaatag aacaggtaga taaaggaggat gaaattactg 780
aaaagaaagc caaaaaagcc aagattaaag ttaaagttga agaagaggaa gaagaaaaag 840
tggcagaaga agaagaaaca tctgtgaaga agaagaagaa aaggggtaaa aagaaacaca 900
ttaaggaaga accactttct gaggaagaac catgtaccag cacagcaatt gctagtccag 960
agaaaaagaa gaaaaagaaa aaaaagagag agaacgagga ttaacagaaa ggaattacga 1020
ttatatcacc cggacacaca tcatgcttaa gattcaactg ggagcatacc agggatgctc 1080
tctaacgtaa tcaagggaag gtccagtaag acaaagtgat ttatcatcta taacttcaaa 1140
cctatttgtc ttgacatcaa ctctgttaac cttatgtcat catttcttag agtctttgat 1200
atacaataaa aattttcttt gtattttaaa acaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1260
aa

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1281 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

```

15 ggcggaagta gccgcaggca tggcgggggc tatgccgctg ttgctctgct cgtcctgttg 60
 ctccctggggc ccggcggtcg gtgccttgca gaacccccac gcgacagcct gcgggaggaa 120
 cttgtcatca ccccgctgcc ttccggggac gtagccgccca cattccagtt ccgcacgcgc 180
 tgggattcgg agcttcagcg ggaaggagtg tccattaca ggctctttcc caaagccctg 240
 gggcagctga tctccaagta ttctctacgg gagctgcacc tgtcattcac acaaggcttt 300
20 tggaggaccg gatactgggg gccacccttc ctgcaggccc catcagggtc agagctgtgg 360
 gtctgggttc aagacactgt cactgatgtg gataaatctt ggaaggagct cagtaatgtc 420
 ctctcaggga tcttctgcgc ctctctcaac ttcactgact ccaccaacac agtactccc 480
 actgcctcct tcaaaccctt ggtctgggcc aatgacactg accactactt tctgcgctat 540
 gctgtgctgc cgcgggagggt ggtctgcacc gaaaacctca cccctggaa gaagctcttg 600
25 ccctgtagtt ccaaggcagg cctctctgtg ctgctgaagg cagatcgctt gttccacacc 660
 agctaccact ccaggcagt gcatatccgc cctgtttgca gaaatgcacg ctgtactagc 720
 atctcctggg agctgaggca gaccctgtca gttgtatttg atgccttcac cacggggcag 780
 ggaaagaaag actggtccct cttccggatg ttctcccga ccctcacgga gccctgcccc 840
 ctggcttcag agagccgagt ctatgtggac atcacacact acaaccagga caacgagaca 900
30 ttagagggtgc acccaccccc gaccactaca tatcaggacg tcatcctagg cactcggaag 960
 acctatgcc a tctatgactt gcttgacacc gccatgatca acaactctcg aaacctcaac1020
 atccagctca agtggaagag acccccagag aatgaggccc cccagtgcc cttcctgcat1080
 gccagcggt acgtgagtgg ctatgggctg cagaagggg agctgagcac actgctgtac1140
 aacaccacc cataccgggc cttcccggtg ctgctgctgg acaccgtacc ctggtatctg1200
35 cggctgttac atccactacc agcctgcccc ggaccggctg caaccaccac tcctggagat1260
 gctgattcag ctgccggcca a 1281

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 716 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

10 gggccccaga aagagaccaa tgtgttgtgc gacgggtggg tggcagtggc agtggcagat 60  
 ggtaccaggc gccccagAAC tctaaggggc ctcaagtagt ttaaaacctc ggaggctgcc120  
 tgacttgagg ccaagggttt ctatgctcag gcctgacccc tcatggatta gtttctgtg180  
 15 gaaaaacttt ttctgcoctc ggccagggtc ctatctcctt ctgccttaac atattttgga240  
 aggttggttc ccagcagaga cggggccatg ggctcacact ctgacctctc ccacggcatt300  
 agccctgtct cagcctctgg gctgttacgc aagttaattc ctgcacaaga ctcaaacag360  
 ggctgtggag gaagcaaagg agcccttttt atgcctctgt agtaggactg agagaggccc420  
 tctggccagc gtgagcctgc tggttcttcc cggactgtac caggccttga ggcggggtat480  
 20 ggaaacgccc cactctgggg cctggccttg ggaaggggag gcggcagggg ttctttgggc540  
 ttctcgaggg tataatctga gctctctggg gaacgtgtgt ccatttttag gcagtagtcc600  
 gacacgtcgg gggactcaac ttacactgg gacaatctgt gtgtggtctg tttttagaa660  
 attcatccac acaagagagt ggaggcatga acaggggtgg ccttcctcgg atctca 716

## 20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1160 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## 35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

45 tttgttggtg gagaaaggag agaaaggaaa gcgcgagggg ccgcccgcac caccagcgca 60  
 gagtccctga gctgtgagga gattcggggc gtcaccctgc ctcccctgcg tcccgcacc 120  
 ggccgcttct gtccctggac ccattccaac aatctcgtaa aacatggtgg attactatga 180  
 agttctaggc gtgcagagac atgcctcacc cgaggatatt aaaaaggcat atcggaact 240  
 ggcactgaag tggcatccag ataaaaatcc tgagaataaa gaagaagcag agagaaaatt 300  
 caagcaagta gcggaggcat atgaagtgc gtcggatgct aagaaacggg acatctatga 360  
 50 caaatatggc aaagaaggat taaatggtgg aggaggaggt ggaagtcatt ttgacagtcc 420  
 atttgaattt ggcttcacat tccgtaaccc agatgatgtc ttcagggaat tttttggtgg 480  
 aagggaccca ttttcatttg acttctttga agaccctttt gaggacttct ttgggaatcg 540  
 aagggtgcc cgaggaagca gaagccgagg gacggggtcg tttttctctg cgttcagtgg 600  
 atttccgtct tttggaagtg gattttcttc ttttgatata ggatttactt catttggtgc 660  
 55 actaggtcac gggggcctca cttcattctc ttccacgtca tttggtggtg gtggcatggg 720  
 caacttcaaa tcgatatcaa cttcaactaa aatggttaat ggcagaaaaa tcactacaaa 780

gagaattgtc gagaacggtc aagaaagagt agaagttgaa gaagatggcc agttaaagtc 840  
 cttacaata aatggtgtgg ccgacgacga tgccctcgct gaggagcgca tgcggagagg 900  
 ccagaacgcc ctgccagccc agcctgccgg cctccgcccg ccgaagccgc cccggcctgc 960  
 ctgctgtctg agacacgcgc ctactgtct ctctgaggag gagggcgagc aggaccgacc1020  
 5 tggggcaccg gggccctggg accccctcgg cgtccgcagc aggattgaaa gaaggtggca1080  
 agaggaagaa gcagaagcag agagaggagt ttgaaggagg aaggaagttg gaccaaaggc1140  
 attgattaga ccggattttt 1160

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

10

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1040 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

agcatccgct tccggttccc agactgaatt gtcagtgagc ggagtctgag gtcgctgtgg 60  
 actgcccact gggccttgcc cgagatggac agccggattc cttatgatga ctaccgggtg 120  
 35 gttttcttgc ctgcctatga gaatcctcca gcatggattc ctccctcatga gaggttacac 180  
 caccgggact acaacaatga gttgacccag tttctgcccc gaaccatcac actgaagaag 240  
 cctcctggag ctcaagttggg atttaacatc cgaggaggaa aggcctccca gctaggcatc 300  
 ttcatctcca aggtgattcc tgactctgat gcacatagag caggactgca ggaaggggac 360  
 caagttctag ctgtgaatga tgtggatttc caagatatg agcacagcaa ggctgttgag 420  
 40 atcctgaaga cagctcgtga aatcagcatg cgtgtgcgct tctttcccta caattatcat 480  
 cgccaaaaag agaggactgt gactagaaaa gttgcagccc acagccctc atgtggactc 540  
 tgtcatgaca tgctaactag acttcagggg agccacttct gttttcagcc cctccctgga 600  
 atagtgagtt gggaggatgg ggagacagct aaccaactgc attacccaaa ccatattgca 660  
 cttttagttc cctagttttc taggtgagct tcattccctg aaaggaggat gatgatatct 720  
 45 aggcataacc tagcctgtga ggaacctagt taggaaagac aactgacatt tattgaatat 780  
 catgcactag tcccttacat atgtcatatt ttaattatag aaatcagtag caaaaagaat 840  
 cttggggatt ttccatctga cttccctggc catcttatcc catccttgca ctaccagaag 900  
 attcatacac ttttgagact ccagtgaagc gctgttttca ccccttctc ctccctagcct 960  
 50 ctctcccaaa aagtaaaaca caatgctgaa gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaggggg1020  
 gggccggccg gtgggtggtc 1040

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

55

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1336 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

```

20 cgaggacag aacctggtgc aggaggagtt ggaggccgc gggaccacgc ccccgccat 60
 ccgcaacggc ctggacaaag ccgcgaggtc cgcttcgagc gagctgagca ggccctgcgc 120
 cggttcagcc agggcccccac acccgctgcc gctgtcccg agggcacggc agccgagggc 180
 gctcccaggc agaaaaactg tgggtccagc caggtcccg caggccgggc actagcacc 240
 ctcccagcag ccccggtgcg acctgagggc ccctgacgga tgaggacgtg gtcaggctgc 300
25 ggccctgtga gaagaagcgg ctggacatcc gtggcaaac ttacctggcc cccctcacca 360
 cgtgtgggaa cctgcccctc cgacggatct gcaagcgctt cggggcggat gtgacatgtg 420
 gagagatggc cgtctgcacc aacctgctgc agggccagat gtccgagtgg gccctactca 480
 aacgccacca gtgtgaggac atctttggcg tccagctgga gggcgccctc cccgacacca 540
 tgaccaagtg tggcagctg ctgagccgca ccgtggaggt ggactttgtg gacatcaacg 600
30 tcggctgccc catcgacctc gtgtacaaga aggggtgggg ctgtgccctc atgaatcgct 660
 ccaccaagt tccagcagatc gtccgtggca tgaaccaggt gctggatgtg ccgctgactg 720
 tgaagatccg cacaggcgtc caggagcgtg tgaacctggc gcaccgcctg ctgcccagc 780
 tgcgggactg gggcggtggc ctgcgtcacc aaatggggac atcttgcctt ttgaggatgc 840
 caaccgcgcc atgcagactg gtgtcaccgg gatcatgatt gcccggtggc ccctgctcaa 900
35 gccgtggctc ttcacggaga tcaaggagca gcggcactgg gacatctcgt cgtccgagcg 960
 cctggacatc ctgcgggact tcaccaacta cggcctggag cactggggct cggacacgca1020
 gggcggtggg aagaccgggc gctttctgct cgagtggctg tccttcctgt gccggtacga1080
 tcccgtgggg ctgctggagc ggctcccaca gaggatcaac gagcgccgc cctactacct1140
 gggccgcgac tacctggaga cgctgatggc cagccagaag gcagccgact ggatccgcat1200
40 cagcgagatg ctccctgggc cagtgcctcc cacctgcct tcttgccgaa gcacaaggcc1260
 aacgcgtaca agtagcctca ggctttccca ggggcaccct ggggcgagga gagtacaata1320
 aattttattc ttttaa 1336

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 812 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

```

ggcagcccaa tgtctcctgc acgtgcaatg caaacgctct ttgttccaga gcatggagat 60
cacggagctg gagtttggtc agatcatcat catcgtggtg gtcacgtgcc tgctgagcca120
ctacaagctg tctgcacggt ccttcatcag ccggcacagc caggggcgga ggagagaaga180
15 tgccctgtcc tcagaaggat gcctgtggcc tcggagacac agtgtcaggc aacggaatcc240
cagagccgca gtcttacgcc ccgcctcggc ccaccgaccg cctggccgtg cgcccttcgc300
ccagcggagc gttttccacc gttgccagcc caatgtctcc tgcacgtgca actgcaaacg360
ctctttgttc cagagcatgg agatcacgga gctggagttt gttcagatca tcatcatcgt420
ggtgggtcacg tgccctgctga gccactacaa gctgtctgca cggtccttca tcagccggca480
20 cagccagggg cggaggagag aagatgccct gtccctcagaa ggatgcctgt ggccctcgga540
gagcacagtg tcaggcaacg gaatcccaga gccgcaggtc tacgcccgcg ctcgcccccac600
cgaccgcctg gccgtgccgc ccttcgccca gcgggagcgc ttccaccgct tccagcccac660
ctatccgtac ctgcagcacg agatcgacct gccgcccacc atctcgtgtg cagacgggga720
ggagcccca ccctaccagg gccctggac cttcaagggt cgggaccccg aggaggagtt780
25 ggaaattgaa cggggattgg gtgcggagac cc 812

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

(A) LÄNGE: 2681 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

50

```

gatgcttggg atcatcatca tgatgacgct gtgtgaccag gtggatattt atgagtgcct 60
cccattcaaag cgcaagactg acgtgtgcta ctactaccag aagttcttcg atagtgcctg 120
cacgatgggt gcctaccacc cgctgctcta tgagaagaat ttggtgaagc atctcaacca 180
gggcacagat gaggacatct acctgcttgg aaaagccaca ctgcctggct tccggaccat 240
55 tcactgctaa gcacaggctc ctcactcttc tccatcaggc attaaatgaa tgggtctctg 300

```

```

gccaccccag cctgggaaga acattttcct gaacaattcc agcctgctcc ttttactcta 360
ggggcctctg tcagcaagac catggggact tcaagagcct gtggtcagga aatcagggtcc 420
agccttccct gtagccagac agtttatgag cccagagcct cctgccacac acatgcacac 480
atatctagca ttctttccag acagcatcct cccgccttc caccttggtg gatgcaaggt 540
5 ctatctctcc catcagggtt gccaaagctg ggctttgttt ttcccagcag aatgatgcca 600
ttctcacaaa ccaatgctct atattgcttg aagtctgcat ctaaatattg atttcacgtt 660
ttaaagaaat tctcttaaat tacaattgtg cccaatgcag ggtggctctg gggggcaagt 720
aggtgtgaca ggggattgga aacatgctcc ggcctccag agaaaagttg ctcccaggt 780
ccatgccoct ggaacgtgtt cctatcactc tggctggttg ggctggtcct tagactgggt 840
10 gcttatgatt aaagggtctt ggtagccca ctttccctct ccatgtggag atggaaggta 900
gagaaggata cagtgtctat cctcaagttg ctacggttca gtgagagagg cagacatctg 960
aacagtcagg taggattcag tgtgctcagt gcactgggga tttggagaga gatgggcttg1020
ctctctctgt gcaccagga gggccacgca cttaaaactg tgtttgtgga tcagagaagg1080
ctttatagca cagggggcat tcagatgagt cttagaggaa gagaagaaac atggcaagca1140
15 gattacatct gagcgtttt aattgtgttt ttctttcttc ccatgtttat tttctaagat1200
ctacctgaac ttagagactc aagatatattt tttaggaaac ctctaccca tgtctgaggt1260
agcaagtgcg gcctcacgac agataccagg caatccagag ccacaaaacg tgattcctcc1320
aggctctgcc tggcctgacc ctgtcctgtc agctgggttt acataccagt cccattcttc1380
cttttcaata aatacccca aatcttcttc taaccaccat taaagcattt tttgctttta1440
20 aagcatcctg accccaattt ctttgagctc acgggccttt tgctgaagggt ctctcagggt1500
gtagtgtgtt ggctctctgg acttaacgtc actctcagag gtcagaacct tggagatcag1560
aactgattct caccaggtgt gagagggtgt gtagcagatt gcaatgctct gcacctcttc1620
cttgcaagtg agcaacttca ggctctctgg gcagaggctg gccactgta gtttcagac1680
atgctctcca gatgtttta ctaagtccc tctccctgat agggaatcct gctggaccag1740
25 cgcagcctgg gtgtggagag gttaaaagac ttgcacagga tcaccaagtc atgctgtaga1800
gccaggattc ctagaccag ggctctgcac tctcaaggct ggccccatgt gctcaagggg1860
atctaattgt tgggctccaa actaaccatc tcggagctgg gctcctcatt tactgccaaa1920
ccctcagctt atgtagctag aaagggccct ggagtgaaga agcctggatt ttcaaatga1980
tgctccctta ctgactagct gtgcaactct gggcaaatgc tcttcttgta gcctgtttcc2040
30 acacctgtaa agtggggatg atgacatct ctactgctt ttgtgaggat tacaggaaag2100
cacctgtcct ggctctgtac ctggcacgta gtaggtgtct agttcatgct ggtttccttc2160
ctgccttttag tagggacctg ctctgtgtc acacctcggc tgcattgcacc ctgctgtgac2220
ggaggtctagt gtggaagagg tctgtctcct agggcaattaa ctgtcttatt gggagacaac2280
aactgtctct cttggaacac ccaagaaacc atgcaaagca gtggacaaca cagaacacgc2340
35 cctcctcctc gctgcctgca gctccaatct gattctgctt gggaatgggc ggagcacgtg2400
ggctgcttaa ctgctgtata ggacaagccc cttacccttc tctgggcca tgaattcctg2460
gcttggttta tgttctgatt tgacacactg attttaatct tcgaatcatg acactgagtg2520
cagaggaggt ggcattccga cagcaggaca tacatgttgg tgtgaagact gggacgacac2580
tggttagaat ctagttttta attattatta atataaagga tcaaattaat ttaaatatga2640
40 atccgaagtc cacagaactt taagtgtctg gccggccatg t 2681

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 1407 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

```

cttgggacgg aagcctagct ggggtggggg cgccgggctg gagccttcgc aggggagcgg 60
gctcagtcac caccctgccc ccagagtgta ctacagcccc acgtccccac ccacccccgg 120
10 ggagccaggg ccgcagaggg aggtagataa gtgggggtggc agcctgggtc ggccagagag 180
ttcaggccac cccggccgga cgcctgccac ttgctgtcac tgtgccgctg tcatggcacg 240
ctccgggagt gccacgccac ctgcccgggc tccgggagcc cctccacgga gccaccccc 300
gaggctggta caggatgtca gtgggcccct gagggagctg cgccctcggc tctgccacct 360
gcgaaaggga cctcagggct atgggttcaa cctgcatagt gacaagtccc ggcccgccca 420
15 gtacatccgc tctgtggacc cgggctcacc tgccgcccgc tctggcctcc gcgccagga 480
ccggctcatt gaggtgaacg ggcagaatgt ggagggactg cgccatgctg aggtggtggc 540
cagcatcaag gcacgggagg acgaggcccg gctgctggtc gtggaccccc agacagatga 600
acacttcaag cggcttcggg tcacacccac cgaggagcac gtggaaggtc ctctgccgtc 660
acccgtcacc aatggaacca gccctgcccc gctcaatggt ggctctgctg gctcgtccc 720
20 aagtgaacctg cctggttccg acaaggacac tgaggatggc agtgccctga agcaagatcc 780
cttccaggag agcggcctcc acctgagccc cacggcggcc gagggccaag agaaggctcg 840
agccatgcga gtcaacaagc gcgcgccaca gatggactgg aacaggaagc gtgaaatctt 900
cagcaacttc tgagccccct cctgcctgtc tcgggaccct gggacccctc ccgcacggac 960
cttgggcctc agcctgcccc gagctcccc agcctcagtg gactggaggg tggctcctgcc 1020
25 attgcccaga aatcagcccc agccccggtg agcccccatc ctgcccctgc ccaccaggta 1080
ctgggggcct gtggcagcaa gataggggga gagagaccca gagatgtgag agagagtcag 1140
agacagagac agagagagag agagagagac acagagagag acagagagag agcgagcgag 1200
cgcgcgggcag ccgcggggcg agggcctttg ctgctctgcc ggggcctgct gactgaaagg 1260
aatttgtgtt tttgcttttt ttccaaaag atctccagct ccacacatgt ttccacttaa 1320
30 taccagagac cccccccgct aaagcccccc tccccggccc ctggggacgc gctctaaata 1380
attgcaataa aacaaacctt tctctgc 1407

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

## 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1376 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

```

cgaagaagcc cgcggccgctc ccgcttagac aatgccccgg agccgccaga ccgtcgcgcc 60
cctgccccat cgtagtatat gagctgcgct acacaaggac ccccgctaaa agccagagct 120
cccagtcgcc gaggtctgaa gacggggact cccttctcca ccaactctgt cctcgggggg 180
tggggccccca gccgagatca .cagcgcgaca ggagtggggg tggccgctgg agacaggtga 240
5 agaaacaaga aaactaagaa atccgagcgg ttggaggggg agtctgtgtg gatgggatgg 300
ggacgccggg ggaggggctg ggccgctgct cccatgccct gatccgggga gtcccagaga 360
gcctggcgctc gggggaagggt gcgggggctg gccttcccgc tctggatctg gccaaagctc 420
aaagggagca cggggtgctg ggaggtaaac tgaggcaacg actggggcta cagctgctag 480
aactgccacc tgaggagtca ttgcgctgg gaccgctgct tggcgacacg gccgtgatcc 540
10 aaggggacac ggccctaatac acgcggccct ggagccccgc tcgtaggcca gaggtcgatg 600
gagtcgcgcaa agccctgcaa gacctggggc tccgaattgt ggaaatagga gacgagaacg 660
cgacgctgga tggcactgac gttctcttca ccggccggga gtttttcgta ggctctcca 720
aatggaccaa tcaccgagga gctgagatcg tggcgacac gtccgggac ttcgccgtct 780
ccactgtgcc agtctcgggt ccctcccacc tgcgcggtct ctgcccgatg gggggacctc 840
15 gcactgttgt ggcaggcagc agcgacggc cccaaaaggc tgtccgggca atggcagtgc 900
tgacagatca cccatatgcc tccctgaccc tcccagatga cgcagctgct gactgtctct 960
ttcttcgtcc tgggttgctt ggtgtgcccc ctctcctcct gcaccgtgga ggtggggatc1020
tgcccaacag ccaggaggca ctgcagaagc tctctgatgt caccctggtg cctgtgtcct1080
gctcagaact ggagaaggct ggccggggc tcagctccct ctgcttggtg ctacgacac1140
20 gcccccacag ctgagggcct ggccttgggg tactgtggc caggggtagg atagtatagg1200
aagtagaagg ggaaggaggg ttagatagag aatgctgaat aggcagtagt tgggagagag1260
cctcaatatt gggggagggg agagtgtagg gaaaaggatc cactgggtga atcctccctc1320
tcagaaccaa taaaatagaa ttgacctttt aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa agttct 1376

```

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 854 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

```

acgtatagtc gggtcggctg gtggagtagc tcagagtagg gggagcgccg taattgacac 60
atctcttatt tgagaagtgt ctgttgccct cattaggttt aattacaaaa tttgatcacg120
atcatattgt agtctctcaa agtgctctag aaattgtcag tgggttacat gaagtggcca180
tggtgtctg gagcaccctg aaactgtatc aaagtgtgac atatttccaa acatttttaa240
aatgaaaagg cactctcgctg ttctcctcac tctgtgcact ttgctgttg tgtgacaagg300
55 catttaaaga tgtttctggc attttctttt tatttgtaag gtggtggtaa ctatggttat360
tggtagaaaa tcctgagttt tcaactgtat atatctatag tttgtaaaaa gaacaaaaca420
accgagacaa acccttgatg ctccctgctc ggcgttgagg ctgtggggaa gatgcctttt480
gggagaggct gtagctcagg gcgtgcactg tgaggctgga cctgttgact ctgcaggggg540

```

catccatttta gcttcaggtt gtcttggttc tgtatatagt gacatagcat tctgctgcc600  
 tcttagctgt ggacaaaggg ggttcagctg gcatgagaat atttttttt ttaagtgcgg660  
 tagtttttaa actgtttgtt tttaaacaaa ctatagaact cttcattgtc agcaaagcaa720  
 agagtcactg catcaatgaa agttcaagaa cctcctgtac ttaaacacga ttcgcaacgt780  
 5 tctgttattt tttttgtatg tttagaatgc tgaaatgttt ttgaagttaa ataaacagta840  
 ttacattttt aaaa 854

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

## 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1681 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

ttcagctttt gccgaaatgg gtagtgatca cacacagtca tctgcaagca aaatctcaca 60  
 agatgtggac aaagaggatg agtttggtta cagctggaaa aatatcagag agcgttatgg 120  
 aaccctaaca ggagagctgc atatgattga actggagaaa ggatcagatg gtttgggcct 180  
 35 aagtccttgc gggaaacaaag accgatccag gatgagtgct ttcatagtgg ggattgatcc 240  
 aaatggagct gcaggaaaag atggtcgatt gcaaattgca gatgagcttc tagagatcaa 300  
 tggtcagatt ttatatggaa gaagtcatca gaatgcctca tcaatcatta aatgtgcccc 360  
 ttctaaagtg aaaataattt ttatcagaaa taaagatgca gtgaatcaga tggccgtatg 420  
 tcctggaaat gcagtagaac ctttgccctc taactcagaa aatcttcaaa ataaggagac 480  
 40 agagccaact gttactactt ctgatgcagc tgtggacctc agttcattta aaaatgtgca 540  
 acattctgga gcttcccaag gaggcagggg ggtttgggta ttgctatcag cgaagaagat 600  
 aactcagtg gagtcacat aaagagctta acagagcatg gggtagcagc cacggatgga 660  
 cgactcaaag tcggagatca gatactggct gtatgatgatg aaattgttgt tggttaccct 720  
 attgaaaagt ttattagcct tctgaagaca gcaaagatga cagtaaaact taccatccat 780  
 45 gctgagaatc cagattccca ggctgttcc tccagcagctg gtgcagccag tggagaaaaa 840  
 aagaacagct cccagctctc gatggtccca cagtctggct cccagaaacc ggagtccatc 900  
 cgaaatacaa gcagatcatc aacaccagca atttttgctt ctgatcctgc aacctgcccc 960  
 attatccctg gctgcgaaac aacctcagag atttccaaag ggcgaaacagg gctgggcctg1020  
 agcatcgctt ggggttcaga cacgctgctg ggtgccatta ttatccatga agtttatgaa1080  
 50 gaaggagcag catgtaaaga tggaagactc tgggctggag atcagatcct agaggtgaat1140  
 ggaattgact tgagaaaggc cacacatgat gaagcaatca atgtcctgag acagacgcca1200  
 cagagagtgc gcctgacact ctacagagat gagggcccat acaaagagga ggaagtgtgt1260  
 gacaccctca ctattgagct gcagaagaag ccgggaaaag gcctaggatt aagtattgtt1320  
 55 ggtaaaaagaa acgatactgg agtatattgtg tcagacattg tcaaaggagg aattgcagat1380  
 gccgatggaa gactgatgca gggagaccag atattaatgg tgaatgggga agacgttcgt1440  
 aatgccaccc aagaagcggg tgccgtttgg ataaaagtgt ttccctaggg cacagttaac1500  
 cttgggaagt tgggaaggat tcaaagctgg gtcccgttcc gtttcaggag gagggagggc1560

cgtttttcaa aggcagccca gggttgagtt tgaaggggca gcctctttcg tcttttttca1620  
 cgtttttccc acttttttgg ggatccccgt ttacattttg agttccactt ggggaagtta1680  
 g 1681

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 852 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

30 ggcaatttcc gttaggtgct gaaggctgtg ggcgcggct gtccccattc ccacgtgaag 60  
 cgctacgcta gcatcgctcg gctggcggct cccagctcgc cgcggagcag tcccggcagc120  
 agcgggggac cggaagtggc tcgcggagc tcagaagcta gtcccggagc ccggcgtgtg180  
 ggcctcggga gcacgggtgac ggcgccatgt ccctaactct ctccatctct aacgaagtgc240  
 cggagcaccc atgtgtatcc cctgtctcta atcatgttta tgagcggcgg ctcatcgaga300  
 agtacattgc ggagaatggt accgacccca tcaacaacca gcctctctcc gaggagcagc360  
 35 tcatcgacat caaagttgct cacccaatcc ggcccaagcc tccctcagcc accagcatcc420  
 cggccattct gaaagctttg caggatgagt gggatgcagt catgtgcac agcttcactc480  
 tgcgccagag ctgcagacaa cccgccaaaga gctgtcacac gctctgtacc agcacgatgc540  
 cgcctgccgt gtcattgccc gtctcaccaa ggaaactgtg aaggggatgg gcaggagggc600  
 ttgtgcaggg ttttgtaagc agtgatctag ttccattaaa aaaagaaaaa aataaaaaag660  
 40 ccctgcacaa ggcctacagc ccctctccct tcctgtcgtt caatggacgt ggtgggtggc720  
 gttccacacc cattttgttg cagttcctgt gagacaggag aggctgagcc aagggaactg780  
 tgaaggggat gggcaggag gcttgtgcag ggttttgtaa gcagtgatct agtttcatta840  
 aaaaaagaga ac 852

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1739 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

```

15 gaagcccggg gcctggcgac gcgcacgcgg agcggagcgg cagcgcacgc gggcgatcgc 60
 ttcacggatg cggacgacgt agccatcctt acctacgtga aggaaaatgc ccgctcgccc 120
 agctccgtca ccggtaacgc cttgtggaaa gcgatggaga agagctcgct caccgcagcac 180
 tcgtggcagt ccctgaagga ccgctacctc aagcacctgc ggggccagga gcataagtac 240
 ctgctggggg acgcgccggg gagccccctc tcccagaagc tcaagcggaa ggcggaggag 300
 gacccggagg ccgcggatag cggggaacca cagaataaga gaactccaga tttgcctgaa 360
 gaagagtatg tgaaggaaaga aatccaggag aatgaagaag cagtcacaaa gatgcttgtg 420
 gaagccaccc gggagtgtga ggaggttgtg gtggatgaga gccctcctga ttttgaaata 480
 catataacta tgtgtgatga tgatccaccc acacctgagg aagactcaga aacacagcct 540
 gatgaggagg aagaagaaga agaagaaaaa gtttctcaac cagaggtggg agctgccatt 600
 aagatcattc ggcagttaat ggagaagttt aacttggatc tatcaacagt tacacaggcc 660
25 ttcctaaaaa atagtgtgta gctggaggct acttccgcct tcttagcgtc tggtcagaga 720
 gctgatggat atcccatgtt gtcccgcaca gatgacatag atttgcaaaa agatgatgag 780
 gataccagag aggcattggt caaaaaattt ggtgctcaga atgtagctcg gaggattgaa 840
 tttcgaaaag aataattggc aagataatga gaaaagaaaa aagtcatggt aggtgagggt 900
 gttaaaaaaa attgtgacca atgaacttta gagagtctt gcattggaac tggcacttat 960
30 tttctgacca tcgctgctgt tgctctgtga gtcctagatt tttgtagcca agcagagttg 1020
 tagaggggga taaaaagaaa agaaattgga tgtatttaca gctgtccttg aacaagtatc 1080
 aatgtgttta tgaagggaag atcctaaatca gacaggagtt ggtctacata gtagtaatcc 1140
 attgttgtaa tggaaaccctt gctatagtag tgacaaagt aaaggaaatt taggaggcat 1200
 aggccatttc aggcagcata agtaatctcc tgtcctttgg cagaagctcc tttagattgg 1260
35 gatagattcc aaataagaaa tctagaaata ggagaagatt taattatgag gccttgaaca 1320
 cggattatcc ccaaaccctt gtcatttccc ccagtgaagt ctgatttcta gactgctttg 1380
 aaaatgctgt attcattttg ctaacttagt atttgggtac cctgctcttt ggctgttctt 1440
 tttttggagc ccttctcagt caagtctgcc ggatgtcttt ctttacctac ccctcagttt 1500
 tccttaaaaac gcgcacacaa ctctagagag tgtaagaat aatgttactt ggttaatgtg 1560
40 ttatttattg agtattgttt gtgctaagca ttgtgttaga tttaaaaaat tagtggattg 1620
 actccacttt gttgtgtgtt tttcattgtt gaaaataaat ataactttgt attcgaaaaa 1680
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa gaggagaaaa agaggggaaa gggggaagag gagcaaaaga 1739

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 805 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

10

```

ataggcgac cccaaggtca gggtcacctc gagcctccag acaactgcgt caccttgacg 60
accaactgaa aaaaccggaa gggatggaag cagcggatca tctcgcgata tctggagcgt 120
ctgcgccctgc cttcctgacc tgggacttgt ttccagctct cgcgagactt tcaggggtcg 180
gagcgcgggg gccggccgag aggaaagctg gagcgcgggg tggggaacat gtctgagtcg 240
gagctcggca ggaagtggga ccggtgtctg gcggatgcgg tcgtgaagat agaactctgg 300
taattgatgt ccacccgaga aatccctgca gatgttccag cctctgtcta gtccagatag 360
ccacaggaag ggtactgggt ttggattagg aattgttttc tcacttacct tctttaaaag 420
aagaatgtgg ccattagcct tcggttctgg catgggatta ggaatggctt attccaactg 480
tcagcatgat ttccaggctc catatcttct acatggaaaa tatgtcaaag agcaggagca 540
gtgacttcac ctgagaacat cccagcggga ggacaagaga aatcatgttt attcctcagg 600
aatactgaag tgccctggag taagctgcca ttcttctgta acaatgttat cagtaatgct 660
ttaaactcca gcacctggtt atgcatttga aaccaagtct gtttcttggt ttgtattttc 720
tctctggaag ttgtaaggag gtggtcttaa ataaattaaa caaaaatagg aagtccaaaa 780
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa

```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1483 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

50

```

tgaaaaagac ccaacgcca cacctggtgc cttttgcagc cagcgccac ccattccgtg 60
ccggaccctt ggaatgccc gcggctccag aggaaaaagc ccagggacgg ggctccggtt 120
gcgggggggc ggctgcttct tgggaacttt gtcgtttccg gcgctggctg gctggctggc 180
tgtaaaagac tgaagcccc cggccgcca cccctgaaag cagaacctgg cctccctggc 240
cacagcagcc ttaccaccg ctctacgtgt cccgggcact tcccgcagcc ttcccgtccc 300
tttctcatcg gcctttagt tgtacagtgc tgttggtttg aaaaggtgat gtgtggggag 360

```

55

```

5 tgcggctcat cactgagtag agaggtagaa tttctattta accagacctg tagtagtatt 420
 accaatccag ttcaattaag gtgatttttt gtaattatta ttatttttgt gggacaatct 480
 ttaattttct aaagatagca ctaacatcag ctcattagcc acctgtgcct gtccccgcct 540
 tggcccggtc ggatgaagcg gcttccccgc agggccccca cttcccagtg gctgcttcct 600
 ggggacccag ggcaccccgc caccttcagg cacgctcctc agctggtcac ctcccggctt 660
 tgcggttcag atggggctcc tgaggctcag gagtgaagat gccacagagc cgggctcccc 720
 taggctgcgt cgggcatgct tggaagctgg cctgccagga ccttccaccc tggggcctgt 780
 gtcagccgcc ggccctccgc accctggaag cacacggcct ctgggaagga cagccctgac 840
 cttcggtttt ccgagcacgg tgtttcccaa gaattctggg ctggcgccct ggtggcagtg 900
10 ctggagatga ccccgagccc ctcccctggg ggcacccagg agggccctgc cggaatgtgc 960
 agcctgtggg tagtcggctg gtgtccctgt cgtggagctg ggggtgcgtga tctggtgctc 1020
 gtccacgcag gtgtgtgtgt taaacatgta tgtgctgtac agagagacgc gtgtggagag 1080
 agccgcacac cagcgccacc caggaaaggg ggagcgggta ccagtgtttt gtgtttat 1140
 ttaatcaaga cgtttccctt gttttcctat aaatttgctt cgtgtaagca agtacataag 1200
15 gaccctcctt tgggtgaaatc cgggttcgaa tgaatatctc aaggcaggag atgcatctat 1260
 tttaagatgc tttggagcag acagctttag ccgttcccaa tccttagcaa tgccttagct 1320
 gggacgcata gctaatactt tagagaggat gacagatcca taaagagagt aaagataaga 1380
 gaaaatgtct aaagcatctg gaaaggtaaa aaaaaaaaaa tctatttttg gacaaatgta 1440
 attttatccc ccatgggatg cttgggtatg gcggggggga ggc 1483
20

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1347 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

```

45 tgaggctcttc catgactgca agtggttatat tggactggat ggatcatgaag tccctttcat 60
 agccagagat tttgtgtggc tgctaaaatg cttacatctc tggctatgaa agggacttca 120
 tgaccatcca gtccaatata acacttgacg acagagaaac tgaggctctc catgacttgc 180
 ctagtctccc agctagtttg agggaaaact ggattccac tctggtatcc tttcttcctt 240
 ttacatcatt ttccctcctt tataatgtcc tgagagacca gaactcacac cagaatcgat 300
50 tattcctcag gtgaagcata gactctttca tggtagacag atttcacgac tcagagatag 360
 aaatctcttg ctatcatcag gtcacgggca gctcctgtgg agtcctgccc aacttatgtg 420
 gcttcataaa aatggcaaca gtccaggctc cttgcctaata ttagagcat taactcccta 480
 attgccagta agcaaggagg tggatctctg caaacctaca ctgtctatga cagctctagt 540
 tgtacttggg gtgactaaat acctcaaagg caacctgctt ctgcagggtt tgaagtgtca 600
55 gcttcataag aactgaggt ttagaattgt ttgattctag accataactg aagggcataa 660
 atggaaacag gatatgaagg gaaacaagta gcatcatgga gctgaaaagt ggtgcatcac 720
 ccaatggcta gcacaaacaa ggatcacact gtccattctc ttgtctgcta aattaagcat 780

```

```

5 tttcttgccct cctttgcttc atcttttcac aacagctgga tagagggatc agaaatgact 840
 gtgtcatggg gctcattcac tgcaaaactcc cagttgcaag ctccttggct cccccggagg 900
 gagcaagaat ctcatagtcc agagacacag agggcctttt agccctaata accttttgga 960
 tgggactgca actcatgact atcctgatat tggagaagaag gactttgtta atcttctccc1020
 ccatagctct gctgcgtagg tctacatctt actcagaatc actacacatt cctttagtct1080
 tcctccaagc tccagagcca ttggtacaaa tgctttattg aaactaaata cataatacac1140
 acaatgagat gaagacaata tagaagtccg catagtcac ataatcccgt tccttggccg1200
 gttgaggcag ctcatgggct gagcccagtc aagccaaccc gcagcttcac tcacgacttc1260
 aagatttgat gctaattctt ttggatttct acagttatta aataagtgtc tgagtggaaa1320
10 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaat

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1683 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:118

```

35 aattcggcac gatgggggga atctccgacc ccgacaccct acacatctgg aagaccaaca 60
 gccttcctct ccggttcttg gtgaacatcc tgaagaaccc ccagtttgtc tttgacatcg 120
 acaagacaga ccacatcgac gcctgccttt cagtcatcgc gcaggccttc atcgacgcct 180
 gctccatctc tgacctgcag ctgggcaagg attcgccaac caacaagctc ctctacgcca 240
 aggagattcc tgagtaccgg aagatcgtgc agcgctacta caagcagatc caggacatga 300
 cgccgctcag cgagcaagag atgaatgccc atctggccga ggagtccgagg aaataccaga 360
 atgagttcaa caccaatgtg gccatggcag agatttataa gtacgccaag aggtatcggc 420
 cgcagatcat ggccgcgctg gaggcccaacc ccacggcccg gaggacacaa ctgcagcaca 480
 agtttgagca ggtggtggct ttgatggagg acaacatcta cgagtgtctac agtgaggcct 540
 gagacacatg gagagttggt caggctgctg ctgggagaaa tggacgcccc ctgggcctca 600
 acttgatctt ctaccccgct cctgtgactc agactgggaa atactgagca gagacggctg 660
 gggcgggggc aggaggagg gctgctctct gagacagggg cgcccccgcc ttgacctctg 720
 ggcacctcca tccccctcca cctgtcccca gatcagtcct tgggatggag gccagagagc 780
 ttggtcaggct ccccatctg cccagcacgg cctgcactgt gccacccac ttgtccaca 840
 acgtccagtt ggtcctgctg ccaagagccc cgtgcattca ggccggccaag cacaaactgg 900
 gggagaggag gccgccagcc cggaggctgc agcccagaaa ctctacctca tccacactgg 960
 tgcaggaggc cctccttgaa ctgacctttg attggtttct gcttcaacta ccaaaatggt1020
 atctccactt cccctcacc cgtagaggat cctggccaca gacagtttca agtagtgtca1080
 gattttgtt gcttggcggt ctgttggtag agtgggcagt gcccgcgcca tggggtgctc1140
 tgtgggcttc tccaggagca gggagggtgg aggggaggga tggggggcac aggagctggg1200
 agccccgtct ccaggaaaag gagagggtt aagatgcacc gaggtgtag ctgggtact1260
 tgatcttgct gaaagtgtt ctaaagatag caccactttt ttttttaaag cttttatata1320

```

ttaaaaaacg tatcatgcac caactgtgaa tagctgccgc ttgcgcagag gacccgggga1380  
 ggggtcccga gaggctcccc atgcaacact ggaaatgact gttccagaga gcgggcagac1440  
 ctggcagagc gcccctggcg cctgagacta ccacccactc cgttcctgcc agaaacgacc1500  
 ctctgtggcc gatgggcat gcgggccct cgcagccaac tcagccagtg ttgggactgg1560  
 5 ctcagagccc atgggggctg gaggggggca gctgggactc tgggaatctt tttataataa1620  
 aagccttacg gacaaaccta aaaaaaaaaa aacaagacaa gagagggaaa gggaaaagaag1680  
 ggg 1683

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

10

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1355 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

acaagcatgg aagctttact gtttcggctc ttcaaacttc cagcaactac actgcggtgc 60  
 atcggacttc gacgcccgt ggtgacgcac acgctgcgcc ggaagtgtga acacaaagcc 120  
 35 tccaggcttt gtcatggcgg ctgctgctgc acgctggaac catgtgtggg tcggcaccga 180  
 gactgggatc ttgaaagggg taaatcttca gcaaaaacag gcggcgaact tcacggccgg 240  
 aggacagccg cggcgcgagg aggcagtga cgcctgtgt tggggcaccg gcggcgagac 300  
 ccagatgctg gtgggctgcg cggacaggac ggtgaagcac ttcagcaccg aggatggcat 360  
 attccagggt cagagacact gcccgggcgg ggagggcattg ttccgtggcc tcgcccaggc 420  
 40 cgacggcacc ctcatcacat gtgtggattc tgggattctc agagtctggc atgacaagga 480  
 caaggacaca tcctctgacc cactcctgga actgagagtg ggccctgggg tgtgtaggat 540  
 gcgccaagac ccagcacacc cccatgtggt tgccacaggt gggaaagaga atgctttgaa 600  
 gatattgggac ctgcagggt ctgaggaacc tgtgttcagg gccaagaacg tgcggaatga 660  
 ctggctggac ttgcgggttc ccatctggga ccaggacata cagtttctcc caggatcaca 720  
 45 gaagcttgtc acctgcacag ggtaccacca ggtccgtgtt tatgatccag catcccccca 780  
 gcgcccggcca gtcctagaga ccacctatgg agagtacca ctaacagcca tgaccctcac 840  
 tccgggaggg aactcagtga ttgtgggaaa cactcatggg cagctggcag aaattgacct 900  
 tcggcaaggg cgtctactgg gctgtctgaa ggggctggca ggcagtgtgc gtgggttgca 960  
 gtgccaccct tcaaagcctc tactagcctc ctgtggcttg gacagagtct tgaggataca1020  
 50 caggatccag aatccacggg gtctggagca taaggtttat ctcaagtctc aattgaaactg1080  
 cctcctcttg tcaggcaggg acaactggga ggatgagccc caagagcctc aagaacccaal140  
 caaggtgccc ctagaagaca cagagacaga tgaactttgg gcatccttgg aggcagctgc1200  
 caagcggaag ctctcgggtt tggagcagcc ccaaggagct ctccaaacga gacggagaaa1260  
 gaagaagcgg cctgggtcca ccagcccctg acgcccctgt gccactttg taaataaaact1320  
 55 gctgaacacc caaaaaaaaaa gaaaaaaaagg 1355

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1816 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

```

25 ggtcagagag attctgaaaa gtaatccaaa gtgttccgta gctaaacatg gtgcaggctc 60
 gttgtaccac tgcaaccgac tgacgttact gtagttccta gaatgctgtg agggcggggg 120
 gttcagatca acataaagcc taacttgctg gaggttgtagt ctcaaggctt tctctcttgc 180
 ttaactaaaa cctaaggacc actgtttttg gtagcaatta tatggttact atccactgca 240
 gtctctcagtt gttggggtaa atcccacatg gcagagtaag gcaccccaca gaaattaact 300
 tggagagcct gagaaattcc cagtggcctt ggcatagctg tctagaacac catctctagg 360
30 aaaatttaat tctgtccctg gccagctatt gttcttccac ttcgttttct gctgtcccaa 420
 ggccagatga gtggaatcac catctgactg ttgtcaataa aatgtatctg gcgtgaacag 480
 caggataaacc catgttctcc acataaggat aaccttacgt gaaaccttcc tgctgacaac 540
 catgcagagg aatttttcca cttaagtcag agccttcctc cccatctgga attcacagct 600
 gttccctggc agcacacagg agggatttaa ggacctttgt gaggctaggt acactgtcca 660
35 caactctttg gggaagttac gatttttttt ttccatcata attcagtctc ttcttattct 720
 acagtgtgca ctttatgcct ctgcgcctttt gataaatagtt gttcagtgaa ggaagtcagc 780
 tgccagaata ttaagaaggg tctcccttta tgtcagtaca actgttaggg cggccttccc 840
 atttacttta ggtttcaaga ggattcacccg gaagcacatg ccccggtcta gtcccatttg 900
 aaacagttct gctttactga gaccctaggg cggctcctt gctgacccta gcgctgtctc 960
40 ctaggtgcc a tttcctttcc tcctcagtc aatacaggct gcacattttg tcacttaatg1020
 ccagtacaat ctgtgttact cctaaggact tttgggattt tgatgagacc tgcgagggag1080
 aagacactga gaagccagtg atctgcaagc atttgcctct gtttccacat cacctctggg1140
 atatttcaga tggtgtttcc aaatggcaaa tcatcaacta aaagcacttg tttcaagt1200
 tgttctgcac tcccacgact gaagttgtag attgagctga ataaccatgg gaagtgacca1260
45 agcaaagaca ctcgattgga gtcagttgaa tatttgtacc ctgagtgagg cccttctgg1320
 cttttcttcc acttctgcag aatttcctct agcaaatact tctttctcct tgcttgctc1380
 caccatgata tttgaataag agatggccag aggataacac ttgtctctta aaaactaagc1440
 taaaaaagac ctagaacctt caattgagca gttgtgaaaa ttgctaattg tgccaaggcc1500
 aagcaaagag tttcagaaaa tgactgagaa ggagcgataa cccccagaat gcaaaatcag1560
50 gggcatcatt atccggtgct tgaacaagga gctccgctct acaactggtt tttttaggac1620
 ttgtgaggaa cacagcaacg gaaatccatc cacaagggat gcagtgcccc aacttgta1680
 gcgcctgaat agtcagtga taatttactg aagaaatcta gtgtacttta aattttttc1740
 ataaaagttt acattgtatt gtaggttaac attaaatgtt ttatagcaaa aacttcaaaa1800
 aaaaaaaaaa aaaaaa 1816

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 740 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:123

```

tttagaattc agcataggtt gaggtcagaa agcaattcag gcatgagcca ccgtgccccg 60
cttcacacccc atttctttaa aaaggatccc gtagcaggca gaaaagcccc ttccatcctg120
ctcctctgat actgtgcccc cttggagata ttcccgtcct ccaccacgt gtctgtggct180
ggaactgccc agcctgctcc tggccccctg gaagcctccc cacagctggt aatctggact240
taaggattgc tgggccaccg cctctctgcc taccaccatt ccatatttaa gtggagcccc300
tacgtagaaa ggccccgggg ctttatttta gtctcctttt cagggatgtc gtgggccccg360
gaggggggttc ttggtgctac agccctctcc ccaccctaa agggacgccg acgctgtttg420
ctgccttcac cacatattag tgcttgacct tggcagggga ccccatggaa aagatgggga480
agagcaaaat acatggagac gacgcaccct ccaggatgct cgctgggatt cccacgcca540
ccactgtccc ccaccccatg gctgggaggg gcctctgaac ggaacagtgt cccacagag600
cgaataaagc caaggcttct tcccaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aagataggtt660
agttaaggcg gccgaaagt tttttccctt tagtaagggt tagtttttag tttggggttg720
gccttcgttt ttaagaacgt

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1493 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

```

aacacctgcc ctcgttcagc gcttttaggga gggcggtcga ggcgccccgg agcaggcaga 60
gtgctgtgag ctgctgctgg ccctgggcga gcctgcggag gagctgtgag aggagtccct 120
ggcgcacgac cgcggccggc tggagaagga gctgagaaac ctggaggccg agctggggcc 180
10 ctacacctcg gctcccagc tgttagagtt caccgacat ggaggcagt gcttcgtggg 240
cgccctctgc caggtggcgg cggcctacca ggagctgttt gcggcccagg gccagcagg 300
tgccgagaag ctggcggcct tcgcccggca gctgggcagc cgctattttg cgctggtgga 360
gcggcggtg gcgcaggagc aggggtggtg tgacaactca ctgctggtgc gggcgctgga 420
ccgcttccac cggcgcttgc gggctcccgg ggcctgctg gccgctgccg ggctcgaga 480
15 ctgtgccac gagatcgagg aacgagtggc ccgcgagcgc ctggggccac acctgcaggg 540
tctccgggag gccttctggt gctgcctgac agacgtccgc caggcgctgg cagcacctcg 600
cgtggtggg aaggagggcc ctggcctggc cgagtgtgct gccaatgtg ccagctccat 660
cctgagccac attaaggcct ctctggcagc agtgcacctt ttcaccgcca aagagggtgc 720
cttctccaac aagccctact tcgggggtga gttctgcagt cagggtgtcc gtgaggccct 780
20 catcgtgggc ttcgtccact ctatgtgcca gacggctcag agcttctgag acagccctgg 840
ggagaagggg ggtgccacac cacctgccct gctcctgctg ctctcccgcc tctgcctgga 900
ctacgagacg gccaccatct cctacatcct cactctcact gatgaacagt ttctggtgca 960
ggatcagttc ccagtgcagc ccgtgagcac gctgtgtgca gaggccagg aaacggcgcg 1020
gcggctgctg acccactacg tgaagggtgca gggcctggtc atatcacaga tgctgcgcaa 1080
25 gagcgtggag actcgcgact ggctcagcac tctggagccc cggaatgtgc gggccgtcat 1140
gaagcgggtg gtggaggata ccaccgccat cgacgtgcag gtgggggtcc tgtacgaaga 1200
gggtgttcgc aaggcccaga gcagcgactc cagcaagagg actttctccg tgtacagcag 1260
ctctcggcag caggccgct acgccccag ctatacccc agtgccccga tggacaccaa 1320
cctcttgagc aatatccaga agctattctc tgaacgtatt gatgtgttca gccctgtgga 1380
30 gttcaacaag gtgtcggtgc tgaccggcat catcaagatc agcctgaaga cgcttgctgg 1440
gagtgtgtgc gggctgcgaa cctttttggc cctttgcggg cttcaacaag ggg 1493

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 250 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
50 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

ccagactgaa ttgtcagtga gcggatctga gggcgggtgtg gaggggccag tggggcttgg 60  
 ccgagatgga caaccggatt ccttatgatg actagccggt gggttcttgc ctgcctatga120  
 gaatcctcca gcatggaatc ctcctcatga gaggtacac agccggacta caacgatgag180  
 ttgacccagt tttggcccga accatcacac tgaagaagcc tcctggagtc attgggatta240  
 5 agatcgaggg 250

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 10 (A) LÄNGE: 1202 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 15 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN  
 20
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:  
 25
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

30 tccggggggag cggcgcgggcg gcgcggggagt tgggttctaaa gagggtgag tcagaagaga 60  
 cgctcaggcag caagcgactt gggccatggc ctctgacctg gacttctcac ctccggaggt 120  
 gcccgagccc actttcctgg agaacctgct acgggtacgga ctcttctctg gagccatctt 180  
 ccagctcatc tgtgtgctgg ccatcatcgt acccattccc aagtcaccag aggcggagggc 240  
 35 tgaaccgtct gagcccagaa gtgctgaggt gacgaggaaag cccaaggctg ctgttccttc 300  
 tgtgaacaag agggccaaga aagagactaa gaagaagcgg tagaagagga ggcctgagga 360  
 gctgggcggg caggagaggg gtcttgggga cagccctcct gggaatctac attgtgttcc 420  
 cccgcattcc aggtcaggg tctgaggagg ctgtgacgcc ctatgaccgc agagatctag 480  
 acagtcgtaa cagtccccag gctccagctg ggcaatccac cacttctctt tccttctgct 540  
 40 tctgtgacgg tttagagtca agggggctga aacacactgt gagcatagac tgtattaggt 600  
 ttgttcagaa gccgggtcag ctcacagagt cacattttct tgcttagtca tgtgtccctc 660  
 cttgagttgc cccctccttg tgggtttaca ctacattttg gagtcatgtt ctaatgctga 720  
 caagcacacc ctctcccat atttgtgcac tacagatctc ctgctgatca gtcacctttg 780  
 ttgctgctgt gtagacagag ccaggcctca cctgtttgtt taggccaaga tgccatggac 840  
 45 atgcagcgtt agtgatcca ctagctgtga cagccaggcc cagaaaatgc ctggcgtgag 900  
 agccagcaga cagccaggcc aggggtaggc agtgctgct tctgctccat cagggtgcagg 960  
 ggatttggct gaaggcgtgc atatttcctg ggcacaaact tcctgagcct ctgaaatggg1020  
 aggtcgtca atttcagacc aacctctttt caacccatca tagcacgttc aagggtgtgcc1080  
 ttttacttct acctgtacat ccccatccc ttcaattctt tcattccctg accagtgaga1140  
 50 gggttcctgg ggaagtatg gtgaataaac tgacatgcat gcttcagaaa aaaaaaaaaa1200  
 aa 1202

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1014 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

20 cccttttttt ttctttttga gatgggggga aagtcctagc aaaaggcagg agttagcatt 60  
 ttccctttaac aagactttct aatgctaaac aaagaccaac ttctttttaa aggggttggt 120  
 ttgggtgtgg gtgaaaaata ctgtactgta atgatctgct tggtttttaa gcaaaagaga 180  
 tcctgacatg tgaaaccaat acacccaaaat gccaaagtcca caaatgaaca aaacaagtgc 240  
 25 ttaaaaaaaaa aattcttctg ctcttatatt ttggaggaa gctgctgatt ttggctgtca 300  
 gatttcactt agaaatggtc actttctgag atgctttttc ctcacagaat ctgtagataa 360  
 actcattaaa agattgtccc atttcaaaat caccaccaag tctagcagca ctgttttttt 420  
 tttttttagt ttttgtttta aaattacaaa ccaagtaaga agtccaacat cctcttccat 480  
 gaacagcttt gtgacagagc tcctgagtgt gtgcagccc cactgtgctc tgaatacagt 540  
 30 ctctgcagct ccagtgtgct ctcttttcag gaaggaaagc atattcaata cattcactat 600  
 ctgtaccccc tggaacttgc acatgctgac gagctattat aagccaactc atccccagct 660  
 ctcttccggg actggtcacc ccttgtaaaa ccattctgta taagttctct ttgaaatttc 720  
 tgatcttgag cagcatattc agaaagttca gattccaccg ccggaggagg aatgtttgga 780  
 ataaatttag aaaatagagt tggagccatc tgaaccact ctggtctgag ggtatacagg 840  
 35 cctttcacia tatttgccat agttgaaggt gtgacctgaa atggtgttga ctgggcttct 900  
 aaaagtaaag gcattaggcc gtaaattgtc ttttctgcaa catgttccgt aaacagcttt 960  
 ataagggcac ctttaagccc ggtaagctg gtccatggga acctatcggt ttg 1014

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1171 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

```

10 caccaaatta atcagggttta cagacagggt cccaccggta ttcacattct tgtagtgat 60
 cagatgggttc agaattttca agatgagagt tgttttttat tctccacagt aaaagctgaa 120
 agtagtgatg gcatccacat aattttgaaa tgatgtctta tatagactga actgtattca 180
 gtaccaaata gtcacgctta aaagtgtgtg aagactgaat ccaagaagtc ttgggattgg 240
 attttaccat atgaaatggt tcatattgaa aacacaagat gacctttcta atgagctgta 300
 tgagagggtga atctcctcac tgctactgcc atagccaagc atcctcatga gagtggagcac 360
15 atcggcacag catgcatcca gctctggagg ccacggtgca ggcatagctg cctgctgctc 420
 tggcagaggc cagtaaatac agttcctaga agcagccttt gctgtctttt tacactgtat 480
 gcggttttga atggaatgta gaaacttact gtgggcattt acctttctgt gccagtttgg 540
 cttttattgc ctgaacctta tgctgacctg gagaggagat gggggacagt gctgttgggg 600
 ggccagcagt gaatctgtat gcggagagtt gtgttgtgct gatgtggccg ttggtggcca 660
20 ggtaagaggc tcggcacctt cttggaagaa atcatgtctg aggggtgtacg tttgatatga 720
 tcatgccaga ttggagaaga tccaagccag gaagatgggc ttgaagcaaa ctgcattatc 780
 aggagtacct tggtagagg atcagtgtaa atcctaatag gtacaaagac ttttgtgttt 840
 tggctttgtc acagatttat tgaaaaactt ttttgcttct gcttccattt ttagcatttt 900
 agtttctggt tttcattttt ggagattcct tgccttttaa actcgtgggt tttctctcat 960
25 tttcttccct ctctccctcc atctctgacc acccccacc taacccccca ccccaccat1020
 cctattaaac atttttaaag ccctacccca gacattggga aatagggtgga cccaagtagg1080
 gggggaggaa agtattgatt tgtttggata ggcttgtgga ttaggggtgtt aaggggttct1140
 tggattatgg aacaagggtg aatttttttt g 1171

```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 353 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

```

55 ggccgggacg cagggcaaaag cgagccatgg ctgtctacgt cgggatgctg cgcctgggga 60
 ggctgtgctc cgggagctcg ggggtgctgg gggcccgggc cgccctctct cggagttggc120
 aggaagccag gttgcagggt gtccgcttcc tcagttccag agaggtggat cgcaggttct180

```

ccacgcccac cggaggcctc agctacgttc aggggtgcac caaaaagcat cttaacagca240  
 agactgtggg ccagtgcctg gagaccacag cacagagggg ccagaaacga gaggccttg300  
 tcgtcctcca tgaagacgtc aggttgacct ttgcccaact caaggaggag tgg 353

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 205 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

30 cggctgagcg gccccgcagc caacccccga ggagcggcgg gctggcgtgc cgctggcgcc 60  
 caggagttgg ggatgtccta caaacccatg cggccctggc tgcccagcag cacccttg120  
 tctgccaggc accccctggg gcccggggca ccccggttcc ctgacaggga ggcgtagcgcg180  
 tgcgccgtgc ggggctgcag tgtcc 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 211 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

5 aaatcacctt acaaccatt tctcagaaca tgtttctatt gttaacaac acacaactat 60  
 tttatttatg tgttttatgt atgcctgac accaatatca ataactgaaa cacagcagtt120  
 tagtaataat ttaatacaca ccataacctg cctattgaga atggcattat atttgttttc180  
 attgtagtgg ctccatccaa aataaaatga t 211

## 10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 867 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

35 gtcttcccaa gatggagatg ctaacgaac tgagaagggg gcgtatgttt gacgaaggtt 60  
 tgtgcaagtc aggccttctt ggaacacagc agggcctaca acgaggggccc ttgcgatgg120  
 gctgtgagga tgggggtggt gggaagaatt ggccacgtta gagaccccat gccacccac180  
 catggtgagt gctctgtgcc tctgtgtcac ctgtgtgag tgggcgagct gggcgagctg240  
 ggcgagctgg gctggggaga gcctgtgagg accgagagga gaaatgagaa gaaggaacaa300  
 aaatattatt tctatgtaat ttatatttta cttatgccaa attatttatg ataatttgcc360  
 40 attgctatac tgtaccagtg tcaaagtctg cagcctgcca agctgtgatt ttgtgaggct420  
 tgtccctatg taggatgcac cgcaggcccc tggccactga aagagtgtgc agtggactgt480  
 ggggtctccca tatgcggtgc cgcccaagg tggctttgcc tcaagcaacc taccctgatg540  
 ttttaactcat tggaaatggtt ttcccgaatt gtggatgact tcttttctga tggagagagt600  
 ccaggaggga tggaaaacgc ctggatttaa gctcagcatc cccacatgg gcttttcgat660  
 45 catcttcagg cctgaagctg cagacacgtg agttgcctg catttatcag ccctctttgt720  
 gctgtcctt gccaccttgg gggtcctgct ggggaccatg tgtggttgtg gcatgtgtga780  
 gcagaaggga ggtgaggaa aaaagagaag gaaaccccc ttagtacaa gtgttttttt840  
 gagttgccag gttttgccat cattaata 867

## 50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 257 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

55 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

20 aattcagact cccattctta acttggcatt tttgtagctt acaggaacca gcttggtgta 60  
ccttctctta tgagatgcag ctggaaagcc atttatgcaa gaggtgggtt cacttttgtc120  
gctcctccat tcattgacct ttcagccttt aaaaaattag aatgtgaaaa ttagtagcaa180  
agagtgcaga gatattagct taagggataa ataaatgaaa gtagcaagta gctcattatt240  
tatgaagagt aataatt 257

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 204 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
30 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

50 gactggctca tggcctctgt aaatggctgc tggcgggact gtctgcctag cgggtgccct 60  
tggaacctag cccttggtgg gttttgagga aatgattcct gaatgaggag tcgattgccg120  
tgtgaagggc tgggtggcacg gcacccgcgt gagctacgcg tgccctcagt gcgcttctgg180  
attgactggc catgggtgct caca 204

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 245 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

```

25 ttgcaccatg gtaaactgtg ataatacagt atcatttttg agcagttttt taaatgtaaa 60
 tctgtatctt actcagagtg tgtgtctgaa gttattaagg acatttccca acgttactgg120
 cccatttccc tttgtaatca gaggaattct gtttcaagat tattgttgtg tgtgatctgt180
 ggctcttgat cagaatgaag ttaaattggc acaggaggat taagctatga ggttggcatt240
 ttcca 245

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1637 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

```

5 ggggagggac gagtatggaa ccctgaaggt agcaagtcca ggcactggcc tgaccatccg 60
 gctccctggg caccaagtcc caggcaggag cagctgtttt ccatcccttc ccagacaagc 120
 tctattttta tcacaatgac ctttagagag gtctcccagg ccagctcaag gtgtcccact 180
 atcccctctg gaggggaagag gcaggaaaat tctccccggg tccctgtcat gctactttct 240
 ccatcccagt tcagactgtc caggacatct tatctgcagc cataagagaa ttataaggca 300
 gtgatttccc ttaggccag gacttgggcc tccagctcat ctgttccttc tgggccatt 360
 catggcaggt tctgggctca aagctgaact ggggagagaa gagatacaga gctaccatgt 420
10 gactttacct gattgccctc agtttggggt tgcttattgg gaaagagaga gacaaagagt 480
 tacttgttac gggaaatatg aaaagcatgg ccaggatgca tagaggagat tctagcaggg 540
 gacaggattg gctcagatga cccctgaggg ctcttccagt ctgaaatgc attccatgat 600
 attaggaagt cgggggtggg tgggtggtgg gggctagttg ggtttgaatt taggggccga 660
 tgagcttggg tacgtgagca ggggtgttaag ttaggtctg cctgtatttc tgggtcccct 720
15 ggaaatgtcc ccttcttcag tgtcagacct cagtcccagt gtccatatcg tgcccagaaa 780
 agtagacatt atcctgccc atcccttccc cagtgcactc tgacctagct agtgctggg 840
 gcccgatgac ctgggggagc ctggctgcag gccctcactg gttccctaaa ccttgggtggc 900
 tgtgatccag gtcccaggg gggactcagg gaggaatatg gctgagttct gtagtttcca 960
 gagttggctg gttagagcctt ctagaggttc agaattattg cttcaggatc agctgggggt 1020
20 atggaattgg ctgaggatca aacgtatgta ggtgaaagga taccaggatg ttgctaagg 1080
 tgagggacag tttgggtttg ggacttacca ggggtatggt agatctggaa cccccaagt 1140
 aggtctggag gagttaaggt cagtatggaa gatagggttg ggacaggggt ctttggaat 1200
 aaagagtgac cttagagggc tccttgggcc tcagggaatgc tcctgctgct gtgaagatga 1260
 gaaggtgctc ttactcagtt aatgatgagt gactatattt accaaagccc ctacctgct 1320
25 ctgggtccct tgtagcacag gagactggg ctaaggggccc ctcccaggga agggacacca 1380
 tcaggccctc ggctgaggca gtagcataga ggatccattt ctacctgcat ttcccagagg 1440
 actagcagga ggcagccttg agaaaccggc agttcccaag ccagcgcctg gctgttctct 1500
 cattgtcact gccctctccc caacctctcc tctaaccac tagagattgc ctgtgtcct 1560
 cctcttgcc tttgtagaat gcagctctgg ccctcaataa atgcttctg cattcatctg 1620
30 caaaaaaaaa aattttc 1637

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 35 (A) LÄNGE: 260 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

```

55 aaaagcatag ctactctgt aataggctat ttcatgatt tcaagtgggt ttatgaagaa 60
 acagaaagca gtgatgatgt tgaagtgtg actctcaaga aattcaaagg agacctggcc 120

```

tacagacgac aagagtatca ggtagaattc aacatatggt gcttgaagtg ggctcttggt180  
 ttatcagtta tggcatatgt aaataacagt gtaccaagtt agtgtggtgt ttatgaagat240  
 gagtttaatc ttttgtgatg 260

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 957 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

30 gggaatttg tctttggaaa gcttgtgcaa cctctacaac tggcgataga agaattctagg 60  
 aaacttacc catgtgcagc tcttggcaga gtttagtaca gcaaatgctg gcttactgta120  
 tgacttccag ctcatatg ttgaagatt tcaaggagt ggagaatctg aacctaattcc180  
 ttacttctat cagaatcttg gagaggcaga atatgtagta gcacttttta tgtacatgtg240  
 tttacttggg taccctgctg acaaaatcag tattctaaca acatataatg gccaaaagca300  
 tcttattcgc gacatcatca atagacgat tggaaacaat ccattgattg gaagaccaaa360  
 35 caaggtgaca actgttgata gatttcaagg tcaacagaat gactatattc ttctttctct420  
 ggtacgaacc agggcagtg gccatctgag ggtgtccgt cgcttggtg tggccatgtc480  
 tagagccaga cttggacttt atatcttcgc cagagtatcc ctcttccaaa actgttttga540  
 actgactcca gctttcagtc agctcacagc tcgccccctt catttgcata taattccaac600  
 agaacctttc ccaactacta gaaagaatgg agagagacca tctcatgaag tacaataat660  
 40 aaaaaatatg cccagatgg caaactttgt atacaacatg tacatgcatt tgatacagac720  
 tacacatcat tatcatcaga ctttattaca actaccacct gctatggtg aagaggggga780  
 ggaagttcaa aatcaagaaa cagagttgga aacagaagaa gaggccatga ctgttcaagc840  
 tgacatcata ccagtcctaa cagacaccag ctgccgtcaa gaaactccag cctttgagcg900  
 tgagagccgc cccgggtggg aaggggcaat tgcgttggg gggcttgggt gtttttt 957

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 760 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

```

15 gtggaataca atagatatta atttgtggtt gggttttctg cctgctttaa atgaaatgta 60
 ttatgtttct gggtttccttt tttagctgta aaaatacttc gtcactaaag catgaaattt120
 aatcagcagt tgttcttcaa gttcctgaaa gctataaaag tttctcatga cttgagtgg180
 tttttccctg cccaccagag gagaaagccc ttgtagaatt ctgcagtgtt acaagtgttc240
 cctacaaaaa ctgaaacccat cagctcctct ttaacaagtt ggctttttaa aagcacgtaa300
20 ttacaattta atgggtattct gtaaaagtgtt gctctaggca taatttaa tctttttaat360
 gactatattt cttcaaaaact ttgaaagaaa aatgtgttct ttttgtgca tcctttgtaa420
 gaagactgcc aacagaggaa aaaggacttt acaaattaag accatcttgg tttcatttcc480
 acaaagatga gaacaaatca tgggtgttagg aaaggatcct tagaagaaca caagaatttg540
 aaagcccttg gtgggttatca ctactatatt tcatatttcc acagaagtga cttagccaag600
25 ctctgcattt tgagcctgct gactttcatt taaaaggaat gaaaggctga aaatccaggc660
 tgctgtgtct gtagataaaag gtcaaaccat gtttgagttc ttcactgttg tgtccacct720
 aataaaactg agtaagtaat gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 760

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 280 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

```

aggaaccctc cggcctagaa gttcagatgt cttgccaaata tatctgtgct tcacaacttg 60
cctactctct ctgaccoccta acattttcac atacttttcc aattctgcct gtcataaatt120

```

```

tgctgcttcc ccctaagtag aatgttgatt cctgtcaaac acacagccta gccctgattc180
ctcctcttct ctcaagcagt gatattgtca acaatgataa acaactacta tgtactgagt240
gtttttttat gtgctgctca cactttatac acatgtatag 280

```

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 461 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

```

gcgggccgctc gaggggaagca cccgcccgggt ggccgaagtc cacgaagccg ccctctgcta 60
gggaaaaacc ctggttctcc atgccacacc tctctccagg tgccctctgc ctcttcaccc120
cacaagaagc cttatcctac gtccttctct ccatctatcg gaccccagtt tccatcacta180
tctccagaga ttagctatt atgcgcccgt ctacagggg tgcccagca tgacggtgcc240
ttcgcagtca aattactctt cgggtcccaa gggttggtt tcacgcgctc cattgccccg300
gcgtggcagg ccattccaag cccttcggg ctggaactgg tgcggagga gcctcgggtg360
35 tatcgtaacg cctggtgttg gtgttgctc actcctctga gctcttctt ctgatcaagc420
cctgcttaaa gttaaataaa atagaatgaa tgataccccg g 461

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 436 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

10 caaagatgtc atgtggccag aatcatcttt tagtctcacc actccacact gatggtcaca 60  
 tagaggtgtg agttgggaag ttgttaaata caagaggggt tgagcttctg gagaagagga120  
 aaatgtaaaa gtattttttc ctttaagaaa gataaaaagg taagcctaaa cttggcggc180  
 caccgaagtc agctgttacg catgtgtagt taaatttcac tgtaaattt tcataagggt240  
 tcttagaatg gagccagggt gacatcacag cccaactgt accaaaggaa ccatttcatt300  
 caaataagcc aacatttcca aagaaacacg aatgttatg gcagagttaa cataaggtca360  
 15 gaaaatcctc tggaagaaat ttcggtatca atgtttataa tctctgcatt taggggtttg420  
 ccagtttggg caaaaa 436

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 287 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

ctttaaagta gggctgtgga agggggatat agtagagggg gagagggctg ttttatacac 60  
 gtataaatgg tatacaccat ttatacacgg tggtcagaga agctctgac aggtgacgta120  
 45 tgtacagaaa gtcactgtgg cctgagtaga gtcaaggaga aggagcagca agagttgagc180  
 ttagggaggt ggagaagggg tggaatagat caagcaagac cttggccctg gtagggatct240  
 gggattttaa gtgagaggac aaccgttggg atgttgtgag cacagaa 287

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 555 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

20 ggcgagcgct cgggtactgac ctctgcagag ccgggtggag cccattgacg tccagcgaac 60  
gaggagcagc gatggacggt cgggtgcagc tgataaaggc cctcctggcc ttgccgatcc120  
ggcctgcgac gcgtcgctgg aggaaccgga ttccctttcc cgagacgttt gacggcgata180  
ccgaccgact cccggagttc atcgtgcaga cgggctccta catgttcgtg gacgagaaca240  
cgttctccag cgacgcctg aaggtgacgt tcctcatcac ccgcctcaca gggcccgccc300  
tgcaagtgggt gatccctac atcaagaagg agagccccct cctcaatgat taccggggct360  
ttctggccga gatgaagcga gtctttggat gggaggagga cgaggacttc taggccggga420  
25 gaccctcggg cctgggggcg ggtgctctgg ggagggtccg ctgtgttact ggccgcgccc480  
agggtcgcca ccggcgccct ccctccgcga gtccctcccc ctcgaaaccg ccgcgaagtc540  
ccctgcggtg ctggtt 555

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1790 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

agtgaagaaag cagggactct tgggcctagg cagccgggac ccagccagcc ctgcgcctcg 60  
cgccgtcgcg catgcgtcct ggtctttctc tagagttgta tatatagaac atcctggagt 120

```

ccaccatgaa cggacagttg gatctaagt ggaagctaata catcaaagct caacttgggg 180
aggatattcg gcgaattcct attcataatg aagatattac ttatgatgaa ttagtgctaa 240
tgatgcaacg agttttcaga ggaaaacttc tgagtaatga tgaagtaaca ataaagtata 300
aagatgaaga tggagatctt ataacaattt ttgatatgtc tgacctttcc tttgcaattc 360
5 agtgacagtag gatactgaaa ctgacattat ttgttaatgg ccagccaaga ccccttgaat 420
caagtcagggt gaaatatctc cgtcgagaac tgatagaact tcgaaataaa gtgaatcggt 480
tattggatag cttggaacca cctggagaac caggaccttc caccaatatt cctgaaaatg 540
atactgtgga tggtagggaa gaaaagtctg cttctgattc ttctggaaaa cagtctactc 600
aggttatggc agcaagtatg tctgcttttg atcctttaa aaaccaagat gaaatcaata 660
10 aaaaatgttat gtcagcggtt ggcttaacag atgatcaggt ttcagggccca cccagtgtc 720
ctgcagaaga tcgttcagga acacccgaca gcattgcttc ctcctcctca gcagctcacc 780
caccaggcgt tcagccacag cagccaccat atacaggagc tcagactcaa gcaggtcaga 840
ttgaaggta caggtaccac cagtagccagc aacaggcccg ctatggtgca cagcagccgc 900
aggctccacc tcagcagcct caacagtatg gtattcagta ttcagcaagc tatagtcagc 960
15 agactggacc tcaacaacct cagcagttcc agggatatgg ccagcaacca acttcccagg 1020
caccagctcc tgccttttct ggtagcctc aacaactgcc tgctcagccg ccacagcagt 1080
accaggcgag caattatcct gcacaaactt aactgcccc aacttctcag cctactaatt 1140
atactgtggc tcctgcctct caacctggaa tggtccaag ccaacctggg gcctatcaac 1200
caagaccagg ttttacttca cttcctggaa gtacctgac cctcctcca agtgggccta 1260
20 atccttatgc gcgttaacct cctccctttg gtcagggtca taccacacct ggacctgggt 1320
atcgataagg aggtcctctc acaccaatta atgtagctgc tagctattgg cctcccaaaa 1380
gactccagta ctattttaat ttgtattgaa gaagttcaga aatttaaaag cagagcattt 1440
tttatgatat cattgttgtt gtttaattgaa agtataattt gctggaacac aaagaccaa 1500
atgaaagtgt tttcctccct gcttaaaaaa gtagcagctt cttagttact ttggaacac 1560
25 actcttacat gtataaagt attgacttga ctttctagct tcccttgtcc ggaggatatt 1620
aaaatgcttg ggtgaggttt agccatctta cttggctttt tactattaac atgatgtact 1680
aaagtagagc cctttgagaa tacaagatat tatgtataaa atgtaacact gatgataggt 1740
taataaagat gattgaatcc aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaca 1790

```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 2357 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

```

ctcgagccga atcggtctga gcgcagacct gcagcgggca aagagctccc gaggaagcac 60
55 agcttgggtc aggttcttgc ctttcttaat gttagagaca gctaccggaa ggaggggaac 120
aaggagttct cttccgcagc ccctttcccc acgcccaccc ccagtctcca gggacccttg 180
cctgcctcct aggttggaag ccatgggtccc gaagtgtagg gcaagggtgc ctcaggacct 240

```

```

tttgggtcttc agcctccctc agcccccagg atctgggtta ggtggccgct cctccctgct 300
cctcatggga agatgtctca gagccttcca tgacctcccc tccccagccc aatgccaaagt 360
ggacttgagg ctgcacaaag tcagcaggga ccactaaatc tccaagacct ggtgtgcgga 420
ggcaggagca tgtatgtctg caggtgtctg acacgcaagt gtgtgagtgt gagtgtgaga 480
5 gatggggcgg ggggtgtgtc gttaggtgtc ctgggcctgt gtgtgggtgg gggtatgtga 540
gggtatgaag agctgtcttc ccctgagagt ttctcagaa cccacagtga gaggggagg 600
ctcctggggc agagaagttc cttaggtttt ctttgaatg aaattcctcc tccccccat 660
ctctgagtag aggaagccca ccaatctgcc ctttgagtg tgagggtgg aaggtaagag 720
gttggtgtgg agttggggct gccatagggt ctgcagcctg ctggggctaa gcggtggagg 780
10 aaggctctgt cactccaggc atatgtttcc ccactctgt ctggggctac agaatagggt 840
ggcagaagtg tcaccctgtg ggtgtctccc tcgggggctc tccccctaga cctccccctc 900
acttacataa agctcccttg aagcaagaaa gaggttccca gggctgcaaa actggaagca 960
cagcctcggg gatggggagg gaaagacggg gctatatcca gttcctgtct tctgtcatg1020
gggtggctgtg acaaccctgg cctcacttga ttcatctctg gttttcttgc caccctctgg1080
15 ggtccccat cccattttca tcctgagccc aaccaggccc tgccattggc ctcttgtccc1140
ttggcacact tgtaccaca ggtgaggggc aggacctgaa ggtattggcc tgttcaacaal200
tcagtcatca tgggtgtttt tgtcaactgc ttgttaattg atttggggat gtttggcccc1260
aatgagaggt tgaggaaaag actgtgggtg gggaggccct gcctgaccca tcccttttcc1320
ttcttgggcc cagcctaggt ggaggcaagt ggaatatctt atattgggcg atttgggggc1380
20 tcgggggaggc agagaatctc ttgggagctc tgggtggcgc tgggtgcattc tgtttcctct1440
tgatctcaaa gcacaatgtg gatttgggga ccaaaggcca gggacacatc cccttagagg1500
acctgagttt gggagagtgg tgagtggaa gggaggagcag caagaagcag cctgttttca1560
ctcagcttaa ttctccttcc cagataaggc aagccagtca tggaatcttg ctgcaggccc1620
tccctctact cttcctgtcc taaaaatagg ggccgttttc ttacacacc ccagagagag1680
25 gagggactgt cacactggtg ctgagtgaac gggggctgct gggcgtctgt tctttaccaal1740
aaccatccat ccctagaaga gcacagagcc ctgaggggct gggctgggct gggctgagcc1800
cctggtcttc tctacagttc acagaggtct ttacgtcat ttaatcccag gaaagaggca1860
tcaaagctag aatgtgaata taacttttgt ggaccaatac taagaataac aagaagccca1920
gtggtgagga aagtgcgttc tcccagcact gcctcctgtt ttctccctct catgtccctc1980
30 cagggaaaat gactttattg ctttaatttct gcctttcccc cctcacacat gcacttttgg2040
gccttttttt atagctggaa aaaacaaaat accaccctac aaacctgtat ttaaaaagaa2100
acagaaatga ccacgtgaaa ttgcctctg tccaaacatt tcatccgtgt gtatgtgtat2160
gtgtgtgagt gtgtgaagcc gccagttcat ctttttataat ggggttggtg tctcattttg2220
gtctgttttg gtcccctccc tcgtgggctt gtgtcggca ccaaagagaa aaacgttttg2280
35 ggggcttgta atttatcctg aaaaatttaa ctttgagcga aaagggggag tgttttaccg2340
tgggggggta aaataaa 2357

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

## 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 907 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148

5 gttcattgtc tggcaccaag ctcccttggg tgaattttct tccaaaagag tccggggagt 60  
 ccaggctcctt cttcctggtt actcataacg cggcccccatt tctcactccc attgggagtc 120  
 gggtttctag agaagccaat cagtgtcgcc gcagttccca ggttctaaag tcccacgcac 180  
 cccgcgggac tcatattttt cccagacgcg gaggttgggg tcatggcgcc ccgaagcctc 240  
 ctccctgctgc tctcaggggc cctggccctg accgatactt gggcggtga gtgcggggtc 300  
 cagagagaaa cggcctctgt ggggaggagt gaggggcccg cccggtgggg gcgcaggact 360  
 10 caggagccg cgcccgagg agggctctggc ggggtctcagc ccctcctcgc ccccaggctc 420  
 ccactccttg aggtatttca gcaccgctgt gtgcgggccg ggcgcgggg agccccgcta 480  
 tccgccgtg gactacgtag acgacacgca attcctgcgg ttcgacagcg acgccgcgat 540  
 tccgaggatg gagccgcggg agccgtgggt ggagcaagag gggccgcagt attgggagt 600  
 gaccacaggg tacgccaagg ccaacgcaca gactgaccga gtggccctga ggaacctgct 660  
 15 ccgccgctac aaccagagcg aggctgggtga gtgaaccgg ccggggggcg aggtcacgag 720  
 cacccccatt ccggcacggg accgcccggg tccttcagag ttccgggtgc gaaatgtacc 780  
 ccgagggagg ggagcggtt gattgctgga gtggatactg ggggggttt acgcaggttc 840  
 attttcagtt taggcaaaa tcccgcggg ttgggcggg atggggggg gttaggtggg 900  
 cggggtt 907

20

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1987 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149

45 aggagggcgtg gggggggggg cgggggagtc agggaagagc accatcgtca agcagatgaa 60  
 gatcatccac gaggatggct actccgagga ggaatgccgg cagtaccggg cggttgtcta 120  
 cagcaacacc atccagtcca tcatggccat tgtcaaagcc atgggcaacc tgcagatcga 180  
 ctttgccgac ccctccagag cggacgacgc caggcagcta tttgcaactgt cctgcaccgc 240  
 cgaggagcaa ggcgtgctcc ctgatgacct gtccggcgctc atccggaggc tctgggctga 300  
 50 ccatgggtgtg caggcctgct ttggccgctc aagggaatac cagctcaacg actcagctgc 360  
 ctactacctg aacgacctgg agcgtattgc acagagtga tacatcccca cacagcaaga 420  
 tgtgctacgg acccgcgtaa agaccacggg gatcgtggag acacacttca ccttcaagga 480  
 cctacacttc aagatgtttg atgtgggtgg tcagcggctt gagcgggaaga agtggatcca 540  
 ctgctttgag ggcgtcacag ccatcatcct ctgcgtagct tgagcgcta tgacttggtg 600  
 55 ctagctgagg acgaggagat gaaccgcatc catgagagca tgaagctatt cgatagcatc 660  
 tgcaacaaca agtggttcac agacacgtcc atcatcctc tcctcaacaa gaaggacctg 720  
 tttgaggaga agatcacaca cagtcccctg accatctgct tccttgagta cacagggggc 780

```

aacaaatattg atgaggcagc cagctacatc cagagtaagt ttgaggacct gaataagcgc 840
aaagacacca aggagatcta cagcacttc acgtgcgcca ccgacacca gaacgtgcag 900
ttcgtgtttg acgccgtcac cgatgtcatc atcaagaaca acctgaagga ctggggcctc 960
ttctgagggg cagcggggcc tggcgggatg ggccaccgcc gactttgtac cccccaacct 1020
5 ctgaggaaga tgggggcaag aagatcacgc tccccgcctg tcccccgcc gcttttctcc 1080
tctttctctt ctttgttctc agctccccct gtccccctcag ctccagacgt aggggagggg 1140
ttgccacagg cctccctggt tgaagcctgc ccttgtctga gatgctggta atggccatgg 1200
taccctcttc tgggcatctg ttctgggttt taaccattgt cttgttctgt gatgagggga 1260
ggggggcaca tgctgagtct cccaaggctg cgtctggagg ggccctgct tctccagcct 1320
10 ggacccccag ctttgcccaa caccagcccc tgccccagcc caagtccaaa tgtttacagg 1380
gagcctcctg cccagtcccc caaccacagc cgctcggagg ccccaaagga aaaagcaca 1440
gaaagcgtgag acgccaccat tcttggaac cacagtccac ctgctcattc tctagcttt 1500
ttaaaaaaat gaaagtaag gaaaaaaaaa aaactgcaaa tctagaaaa tttttagaga 1560
aaaactatatt aaaactgtca gatcctgacc agcaagcgcc cccccagccc cccttccaag 1620
15 tgactcctg ccttgagtgt gtctgcgtgt ttacaccgt ccctctgctg gccgcccccg 1680
tgcgagcggc acccctgccc tgccctccac agaattgggt tccaagggct gttccagaca 1740
actgccaacg tcaactgagg ccctgcccc gcgccctgg cccagggctc tattaacct 1800
aaatgtagct ccctagcgt aacctaggaa ccgcccgtgc ctgctggggg gccacgcccc 1860
tcatgccctt gtcccagggc cggggccttc agcgttgaa acttccttg tttttcac 1920
20 tgttttatgg aattgttcac ctggtttgaa ataataaaat gtagaaagga aaaaaaaaaa 1980
aaaaaaa 1987

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

### 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2906 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 151

```

gtccagaagc aaaaattaag ttccccaagt tttccatgcc caagatcgcc atcccagggtg 60
tgaaaatggg ggggtgggga gccgagggtcc atgcccagct accctctctt gaaggagact 120
tgagaggacc agatgttaag ctcgaagggc ccgatgtttc tctaaagggg ccaggagtag 180
50 acttgccctt agtgaacctc tctatgccaa aagtctctgg gcctgacctt gatctgaact 240
tgaaaggacc aagtttgaag ggagacctgg atgcatctgt tcccagcatg aaggtgcatg 300
ctccagggtc caacctcagt ggtgtcgggt gcaaaatgca ggtgggagga gacggtgtga 360
aagtgccagg gatcgatgcc acaacaaagc ttaacgttgg ggcaccagat gtgacactga 420
ggggaccaag cctgcaggga gatctggctg tctctggtga catcaaatgc cctaaagtat 480
55 ccgtaggagc tctgatcta agcttgagg catccgaagg cagcattaaa cttcccaaaa 540
tgaagctgcc ccaatttggc atctctactc cggggtccga ctgacacgtc aatgccaaag 600
ggccacaggt ttctggcgaa ctgaaggggc caggtgtgga tgtgaacctg aaagggcctc 660

```

```

ggatttcagc accgaatgtg gactttaact tggaggagc aaaagtgaag gggagccttg 720
gggccactgg tgagatcaaa ggcccactg tcggaggagg tctccaggc attggtgttc 780
aaggcctaga aggaacctc cagatgcctg gaattaagtc ctctggatgt gatgtgaacc 840
tgccaggcgt gaatgtgaaa ctcccaactg ggcagatttc tgggcctgaa atcaaagggtg 900
5 gtctgaaagg ttcagaagta gggttccatg gggctgctcc tgatatcagt gtgaaggggc 960
ctgcctttaa tatggcatct cctgagtcag attttggcat caacttgaag ggcccaaaa1020
tcaaaggagg tgcgatggtt tcagggggtg tcagtgtccc agacatcagc ctggtgaa1080
ggcatttgag tgttaaagggt tccgggggtg agtggaaggg accccaagtc tcctctgctc1140
tcaacttgga cacatctaag ttgtctgggg gccttcattt ctcaggacca aaggtggaag1200
10 gaggtgtgaa aggaggtcag attggactcc aggtcctggt gctgagtggt tctgggctc1260
aaggtcactt ggaaagtgga tctggaaaag taacattccc taaaatgaag atcccaaat1320
ttaccttctc tggccgtgag ctggttgga gagaaatggg ggtggatgtt cacttccct1380
aagcagaggc cagcatccaa gctggtgctg gagacggcga gtgggaagag tctgaagtca1440
aactgaaaaa gtccaagatc aaaatgcccc agtttaattt ttccaaacct aaagggaaag1500
15 gtggtgtcac gggtcacca gaagcatcaa tttctgggtc caaagggtgac ctgaaaagt1560
caaaggccag cctgggctct ctggaaggag aggcagaggc cgaagcctct tcaccgaaag1620
gcaaattctc cttattttaa agtaagaagc cacggcaccg ctcaaattca ttcagtgtg1680
aaagagagtt ctctggacct tccaccccca cggggacgct ggagtttgaa ggtggggaag1740
tgtctctgga aggtgggaaa gttaaaggga aacacgggaa gctgaaattc ggtacctt1800
20 gtggattggg gtcaaagagc aaagggtcat atgaggtgac tgggagcgat gatgagacag1860
gcaagttaca ggggagtggt gtgtccctgg cctctaagaa gtcccgactg tcctcctct1920
ctagcaatga cagtgggaat aaggttgga tccagcttcc cgaggtggag ctgtcagtt1980
ccacaaagaa agagtgcag gcctttgtag aacaaaacat cagccttggg tgggtgttct2040
ctataaaac tccaaaggga aacacaccga ctgcctcagc aatcatgcaa agaccttgc2100
25 tggcccgggtg gcaagcgtg aaaaaccgac cgcctgtagg ctctggaac tatacagata2160
ggtaagaggt tccaaagtct tccagcccat gtgcaaagtc aacagtattt gccttaagat2220
ttcatatata tatatttttt tgcattgact gctgagagct cctgtttact aagcaagct2280
ttgtgtttat tatcctcatt tttactgaac attgttagtt ttggggtaat ggaaaccac2340
tttttcattg taatgacttt gggggctttt gttagtaagg gtgggtgggg tgatgggtt2400
30 cagacggagg tcaggtcttc ctctttcctg agactggatc tgttcaaaac gcaaaccgcc2460
acagatggcc cagaggtggt ggtagtcagg gtgtgtgggt gtttttaggg ttcttttagt2520
ttgtttcttt caccagggg tggtgggtccc agccagtgtg gtgctgacgg tgagaggaaa2580
ttagaatctg tttgcaaatt gtccaaccca cccctcaac atgagggggt tccattttct2640
gtgttttgta agggaactgt ttcttcatg ccgccatgtt cctgatatta gttctgatt2700
35 ctttttaaca aatgttatca tgattaagaa aatttccagg actttaatgg ccaattaaact2760
gagaatgtaa gaaaattgat gctgtacaag gcaaataaag ctgtttatta acctgaaaa2820
aaaaaaaaa aaggaggagg gggggggagg gggggagggg gggggggggg aggggggggg2880
agggagggaa aggggggcgg gggaggg 2906

```

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2367 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 153

```

5 gcctcccgcc cgccgcctct gtctccctct ctccacaaac tgcccaggag tgagtagctg 60
 ctttcgggtcc gccggacaca ccggacagat agacgtgctg acggcccacc accccagccc 120
 gccaaactagt cagcctgcgc ctggcgccctc ccctctccag gtccatccgc catgtggccc 180
 ctgtggcgcc tcgtgtctct gctggccctg agccaggccc tgccctttga gcagagaggc 240
10 ttctgggact tcaccctgga cgatgggcca ttcatgatga acgatgagga agcttcgggc 300
 gctgacacct cgggcgtcct ggaccgggac tctgtcacac ccacctacag cgccatgtgt 360
 cctttcggct gccactgcca cctgcggtg gtccagtgtc ccgacctggg tctgaagtct 420
 gtgccc aaag agatctcccc tgacaccacg ctgctggacc tgcagaacaa cgacatctcc 480
 gagctccgca aggatgactt caaggggtctc cagcacctct acgccctcgt cctggtgaac 540
15 aacaagatct ccaagatcca tgagaaggcc ttcagcccac tgcggaagct gcagaagctc 600
 tacatctcca agaaccacct ggtggagatc ccgcccaacc taccagctc cctggtggag 660
 ctccgcatcc acgacaaccg catccgcaag gtgccc aagg gagtgttcag tgggctccgg 720
 aacatgaact gcactgagat gggcgggaaac cactggaga acagtggctt tgaacctgga 780
 gccttcgatg gcctgaagct caactacctg cgcattctag aggccaagct gactggcatc 840
20 cccaaagacc tccttgagac cctgaatgaa ctccacctag accacaacaa aatccaggcc 900
 atcgaactgg aggacctgct tcgtactctc aagctgtaca ggctgggcct agggccacaac 960
 cagatcagga tgatcgagaa cgggagcctg agcttcctgc ccacctccg ggagctccac1020
 ttggacaaca acaagttggc cagggtgccc tcagggtctc cagacctcaa gctcctccag1080
 gtggtctatc tgcactccaa caacatcacc aaagtgggtg tcaacgactt ctgtcccatg1140
25 ggcttcgggg tgaagcgggc ctactacaac ggcatcagcc tcttcaacaa ccccggtgcc1200
 tactgggagg tgcagccggc cactttccgc tgcgtcactg accgctggc catccagttt1260
 ggcaactaca aaaagtagag gcagctgcag ccaccgagg gcctcagtgg gggctctctgg1320
 ggaacacagc cagacatcct gatggggagg cagagccagg aagctaagcc agggcccagc1380
 tgcgtccaac ccagccccc acctcgggtc cctgacccca gctcagatgcc ccataccgc1440
30 ctctccctg ctcccaaggg tgcaggtggg cgcaaggccc ggccccatc acatgttccc1500
 ttggcctcag agctgccct gctctccac cacagccacc cagaggcacc ccataagct1560
 tttttctcgt tcaactccaa acccaagtgt ccaaggctcc agtcctagga gaacagtccc1620
 tgggtcagca gccaggaggc ggtccataag aatggggaca gtgggctctg ccagggtgct1680
 cgcacctgtc cagacacaca tgttctgttc ctctctctca tgcatttcca gcctttcaac1740
35 cctccccgac tctgcggtc ccctcagccc ccttgcaagt tcatggcctg tccctccaag1800
 accctctgct cactggccct tgcaccagtc ctccctctgt ttctctcttt ccccgctcct1860
 cctctctctc tctgtgtgtg tgtcgtgtgt gtgtgtgtgt gtgtgtgtgt gtctgtgtgt1920
 tcctcagacc tttctcgtct ctgagcttgg tggcctgttc cctccatctc tccgaacctg1980
 gcttcgctg tccctttcac tccacaccct ctggccttct gccttgagct gggactgct2040
40 tctgtctgtc cggcctgcac ccagccctg cccacaaaac ccaggggaca gcggtctccc2100
 cagcctgccc tgcctcaggcc ttgcccccaa acctgtactg tcccggagga ggttgggagg2160
 tggaggccca gcatcccgcg cagatgacac catcaaccgc cagagtccca gacaccggt2220
 ttcttagaag cccctcacc ccactggccc actggtgggt aggtctcccc ttatccttct2280
 ggtccagcgc aaggaggggc tgcttctgag gtcggtgggt gtctttccat taaagaaaca2340
45 ccgtgcaacg tgaaaaaaa aaaaaaa 2367

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1314 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154

```

cacacacctg cacatactca tgcattgcaca tgtacacacg cagtcacaca tgcactcacg 60
cagttgcaca cacacgcatg ctcaactccca cactgtgtgc actcagggtg ctgtgttgga 120
cagttggggc cagggtctcc ctgctgtcct gtggggccgg catctgctct ccttctttct 180
15 cccaggttac ttctactccc gaaggattga catcaccctg tcgtcagtca agtgcttcca 240
caagctggcc tctgcctatg gggccaggca gctgcagggc tactgcgcaa gcctctttgc 300
catcctctct cccaggacc cctcggtcca gatgccctg gacctgtatg cctatgcagt 360
ggccacaggg gacgccctgc tggagaagct ctgcctacag ttctgtggct ggaacttcga 420
ggccttgacg caggccgagg cctggcccag tgtcccaca gacctgctcc aactgctgct 480
20 gccagggagc gacctggcgg tggccagcga gctggcccta ctgaaggccg tggacacctg 540
gagctggggg gagcgtgcct cccatgagga ggtggagggc ttggtggaga agatccgctt 600
ccccatgatg ctccctgagg agctctttga gctgcagttc aacctgtccc tgtactggag 660
ccacgaggcc ctgttccaga agaagactct gcaggccctg gaattccaca ctgtgccctt 720
ccagttgctg gcccggtaca aaggcctgaa cctcaccgag gataacctaca agccccgat 780
25 ttacacctcg ccacctgga gtgcctttgt gacagacagt tcctggagtg cacggaagtc 840
acaactggtc tatcagtcca gacgggggcc ttgtgtcaaa tattctctg attacttcca 900
agccccctct gactacagat actaccctta ccagtccttc cagactccac aacaccccag 960
cttctctctc caggacaaga ggggtgctct gtccctggtc tacctcccca ccacccagag 1020
ctgctggaac tacggcttct cctgctcctc ggacgagctc cctgtcctgg gcctcaccaa 1080
30 gtctgggggc tcagatcgca ccattgccta cgaaaacaaa gccctgatgc tctgcgaagg 1140
gctcttcgtg gcagacgtca ccgatttcga gggctggaag gctgcgattc ccagtgcctt 1200
ggacaccaac agctcgaaga gaacctctc cttccctgc cccggcagag cttttcaaac 1260
gggctttccg caacgggtca atccgcgcct ttctaacttg acaaacttct tcag 1314

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 965 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155

```

5 cctcccaaag gaactcccca atactagaac tcatcccaaa ccccttgac ttcaacaaat 60
 taacgaaccc attccccaac ccacaatacc ccaacctcca acaacctaaa acaacgactt 120
 catgctcccg tgcccaaaac gcacagacct tcaacctgga cggctccctg atctatgaaa 180
 gactcccatc gtcttgcaat cgggtcttcac cagcgtgcgg cagaaaatcg agaaggagga 240
 tgacagtga ggcgaggaga gtgaggagga ggaagaggc gaggaggaa gctccgaatc 300
 cgaatctcgg tccgtcaaa tgaagatcaa gcttgcccg aaggagaagg cacaggaccg 360
10 gctgaagggc ggccggcggc ggccgagccg aggggtcccga gccaaagccg tcgtgagtga 420
 cgatgacagt gaggaggaa aagaggagga ccgctcagga agtggcagcg aagaagactg 480
 agccccgaca ttccagtctc gaccccgagc ccctcgttcc agagctgaga tggcataggc 540
 cttagcagta acgggtagca gcagatgtag ttccagactt ggagtaaaac tgtataaaac 600
 aaagaatctt ccatatctat acagcagaga agctgttaga ctgtttgtga ctggccctgt 660
15 cctggcatca gtagcatctg taacagcatt aactgtctta aagagagaga gagagaattc 720
 cgaattgggg aacacacgat acctgttttt cttttccgtt gctggcagta ctgttgccgc 780
 gcagtttgga gtcactgtag ttaagtgtgg atgcatgtgc gtcaccgtcc actcctccta 840
 ctgtatttta ttggacaggt cagactcgcc gggggcccg cgagggtatg tcagtgtcac 900
20 tggatgtcaa acagtaataa attaaaccaa caacaaaacg caaaaaaaaa aaaccaaggg 960
 cgaga

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 25 (A) LÄNGE: 3101 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156

```

45 ctcgcgcggg acacaggagg cagcgagcac gcgtttcccg caaccggata ccatcggaca 60
 ggatttctcc gcctcagccc aacggggagg gctagtgtga catagtgtat tagatgaaa 120
 agctattgaa gctttaaaag aattcaatga agacggtgca ttggcagttc ttcaacagtt 180
 taaagacagt gatctctctc atgttcagaa caaaagtgcc tttttatgtg gtagtcatga 240
50 gacttacagg cagagagaaa aacaaggagc caaagtagca gattctagta aaggaccaga 300
 tgaggcaaaa attaaaggac tcttggaagg aacaggctac acacttgatg tgaccactgg 360
 acagaggaa tatggaggac cacctccaga ttccgtttat tcaggctcagc agccttctgt 420
 tggcactgag atatttgtgg gaaagatccc aagagatcta tttaggatg aacttggtcc 480
 attatttgag aaagctggac ctatatggga tcttcgtcta atgatggatc cactcactgg 540
55 tctcaataga ggttatgcgt ttgtcacttt ttgtacaaaa gaagcagctc aggaggctgt 600
 taaactgtat aataatcatg aaattcggtc tggaaaacat attggtgtct gcattctcag 660
 tgccaacaat aggccttttg tgggctctat tcctaagagt aaaaccaagg aacagattct 720

```

```

tgaagaattt agcaaaagtaa cagaggggtct tacagacgtc attttatacc accaaccgga 780
tgacaagaaa aaaaaacagag gcttttgctt tcttgaatat gaagatcaca aaacagctgc 840
ccaggtaaaa gtgctgtttg tacgcaacct tgccaatact gtaacagaag agattttaga 900
aaaggcattt agtcagtttg ggaaactgga acgagtgaag aagttaaaag attatgcgtt 960
5 cattcatttt gatgagcgag atgggtgctgt caaggctatg gaagaaatga atggcaaaga1020
cttggaggga gaaaatattg aaattgtttt tgccaagcca ccagatcaga aaaggaaaaga1080
aagaaaagct cagaggcaag cagcaaaaaa tcaaatgtat gacgattact actattatgg1140
tccacctcat atgccccctc caacaagagg tcgaggcggt ggaggtagag gtgggttatgg1200
atatcctcca gattattatg gatatgaaga ttattatgat tattatgggt atgattacca1260
10 taactatcgt ggtggatatg aagatccata ctatggttat gaagattttc aagttggagc1320
tagaggaagc taatggttaag gaaatcaagc aaccttaaat atgtcggctg tataggagca1380
tcttccccgc ggtagagccg gttattcaca gagaggaggt cctggatcag caagaggcgt1440
tcgagggtgc agaggaggtg cccaacaaca aagaggccgc gggcagggaa aaggggtcga1500
ggccggctct gacctgttac aatgaagact gacttgctat gtgggattac accagaagct1560
15 tgcagtggag taatggttaag gaaatcaagc aaccttaaat atgtcggctg tataggagca1620
tattctattg cagaagacct tcctatgaag atcatggaat caaatacggg acattgaact1680
aatacttgga ctttgatatg aatttcttta acaattttct ctgcagtgc agttattaaa1740
ctaaagctac tctattttca aaatgtgttc caacagaaa ccttcataac tcctagcatg1800
gtatcttaat aaagaataaa gttcttttaa aaatctgctc taagtagatt ttccctttt1860
20 tttaaattaa ggatcccaac agtgggtatt tgaaatattc tcttgaattt gtgcatttaa1920
attttattgc agtgggtatg atgaatgcc ctagtggtat ccttaaattt ttttctgct1980
caccaaggtt aatcatgatt gtctatatct tttttatagt gatcactttt gaattgtgtt2040
cagatatgca gtttcaggtg taatcatcag agctggtag tcaggcattc cagatagtgg2100
ttcttttcag aaccttttta aaagggttgg ttaactacct cagtagcaga ggattgaact2160
25 ataccctgtc tgtactgtac atagaaaatc tttgtagata aaagcaaggc ttgttaaata2220
tgatatgagg gtaagatttt aatataccaa atgtaacatt cttagtgtgc tttagtttca2280
gaggttgta agacttcctc atgaccatca taacaggcct tgcttttgct gtattttgtg2340
gctgaaaaag cagccttgct tcttcagata ttgtagttaa ttggatgtat aatagtttag2400
caagatgtta cttttgtaag acatcagatg ttcaaaaaag tgcatccgaa cttgtactaa2460
30 atactgcagt gtccctttat aaaaagtcag actaaaactg acaattgtac agcgaagcct2520
gacatttgga tattttgaag ttttttcata aatcatagaa attagtatat ggctgtagt2580
tagcttttta agttaaaggc atgtttcatt agtgcatttc ttcctgctga tccctgtaaa2640
catgtgaatc agctttccat ttcttatgca ggtcatgata acttgtagag tagagtacaa2700
tcatttgtgc tatgttttta attttctaaa gcaccttgat gacagtgagt gtccagtgg2760
35 gaagcatcct ctattgaacc accctcaaaa atttttttgc caagtcctaa gttgatagct2820
taaagtaaaa agtgaaaatt atagtttcat taggacttgg tgtaaagaaa tccctcccc2880
ccttcccaa agggatactg cagttatc acatacccaa taggcaccac gatgaagatc2940
agagcttata cttaattaag gttttataca caccagttcc ccagtaaatg caaatttaac3000
aagaaaatca gacatgtcat atgttcaaaa tgctcatggc aaacaatcat tttgcattcc3060
40 tgcaataaaa attgttttat actgtaaaac aaaaaaaaaa a 3101

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 45 (A) LÄNGE: 983 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157

cgggcgggag cggcgggtcca gactggggag ggacgcgcac cggccaggag gcttcaagag 60  
 gagggcacta gggccctgag agcggcgctt taaccggcgg cgctaggact ccgcgggaaa120  
 10 cggcgggggc ggacgggagg caccaggacc caggggaacc gcgacgggag ggcggcgagc180  
 aggcccgga gccgggaggt gcgggaggcg gcgctggacc cgacgcggcg agagaggccc240  
 cgagatgccg agcaagaaga agaagtacaa cgcgcgggtt ccgccggcgc ggatcaagaa300  
 gatcatgcag acggacgaag agattgggaa ggtggcgggc gcggtgcctg tcatcatctc360  
 ccgggcgctc gagctcttcc tagagtgcgt gttgaagaag gcctgccagg tgaccagtc420  
 15 gcggaacgga aagaccatga ccacatccca cctgaagcag tgcacgagc tggagcagca480  
 gtttgacttc ttgaaggacc tgggtggcatc tgttcccgac atgcaggggg acggggaaga540  
 caaccacatg gatggggaca agggcgccc cagggccgga agccaggcag cggcgccggg600  
 aagaacggtg ggatgggaac gaaaagcaag gacaagaagc tgtccggggac agactcggag660  
 caggaggatg aatctgagga cacagatact gatggggaag aggagacatc acaaccccca720  
 20 cccaggcca gccaccctc tgccacttt cagagcccc cgacaccctt cctgcccttc780  
 gcctctactc tgcctttgcc cccagcggc ccgggcccct cagcacctga tgaagaggac840  
 gaagaagatt acgactccta gcgcctctg cccccagac catagcccct tttagttggt900  
 tttagttgct ctggggggag gagagaagg agagctgttc ttaaatttat taaaaaaaaa960  
 aataaaaggg aaaaaaaaaa aaa 983

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

FIDSYRCFQP KQEGAFTCWS AVTGARHLNY GSRLDYTLGD RTLVIDTFQA SFLLEVMGS 60  
 45 DHCPVGAVALS VSSVPAKQCP PLCTRFLPEF AGTQLKILRF LVPLEQSPVL EQSTLQHNQ120  
 TRVQTCQNKA QVRSTRPQPS QVGSSRGQKN LKSYFQSPSPS CPQASPDIEL PSLPLMSALM180  
 TPKTPEEKAV AKVVKGQAKT SEAKDEKELR TSFWKSVLAG PLRTPLCGGH REPCVMRTVK240  
 KPGPNLGRRF YMCARPRGPP TDPSSRCNSS SGAGPAEPME AWGHLAWSPL HMI 293

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

55

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

ETLREKQEAA QGRGAGLRSC AGVTMPDVPR PPLVQLGLLQ RKNCTGRRGQ WEDPGAWHTC 60  
RSGGPSWVLA SSQYASHMAP CGPHRGVCAR APPAQTSMR SVTPSHLWLL KSWPAPSPLW120  
15 PLPSLLESSG S 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

35 KRRPKLGPGF FTVRITHGSL WPPQRGVRKG PASTDFQNEV RNSFSSLASE VLACPFTTLA60  
TAFSSGVFGV MRALISGR LG SSMSG EAWGQ LG EG 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

40

(A) LÄNGE: 136 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

5 LHQLAAQRLY LRPVRVGAWA LSLPGERRAE ISNQWSALVT WIPEGREGST VSSAADCCSK 60  
 NVFSTSFESP SHGNPSTPTR DPTPAVSRIS STCTSRDPND SCTNEHYGSC SNCLSTHCYVY120  
 GWKAFGRKKG SSRLKG 136

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

10 (A) LÄNGE: 281 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

25 PGSQKVAKAV FFPQRRTA AV RMSFPPHLNR PPMGIPALPP GIPPPQFPGE PPPVPPGTPM 60  
 IPVPM SIMAP APTVLVPTVS MVGKHLGARK DHPGLKAKEN DENC GPTTTV FVGNISEKAS120  
 DMLIRQLLAK CGLVLSWKRV QGASGKLQAF GFCEYKEPES TLRALRLLHD LQIGEKLLV180  
 KVDAKTKAQL DEWKAKKKAS NGNARPETVT NDDEEALDEE TKRRDQMIKG AIEVLIREYS240  
 SELNAPSQES DSHPQEEEEG KEGGHFPQIS SGPTDPLSTH H 281

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

35 (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

50 CSLVQESLGS LEVQVEEILE TAGVGS LVGV LGFPWEGDSN EVEKTFLLQQ SAAEETVLPS 60  
 RPSGIQV TSA LHWFEISARR SPGRLSAQAP TRTGRKYSRC AAS 103

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

(A) LÄNGE: 127 Aminosäuren

(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einz I  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 1:

15

NISLLDHPGL QSCLYFLFWI LFTNRERYIS AWKWPDVWKL DIWHFGLHSH GYYSHNKDGS 60  
GNSFLDLDQP SRYLGIYYIL FCIFLVLRWD SLAIFGLPEY VFCVYSAPVK WFCLVCHNPH120  
GCYMSIS 127

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

(A) LÄNGE: 382 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

40 HEVLCCRMAL LQKAKVIRLI KISPEKPITL AVGDGANDVS MIQEAHVIG IMGKEGRQAA 60  
RNSDYAIARF KFLSKLLFVH GHFYIIRIAT LVQYFFYKNV CFITPQFLYQ FYCLFSQQTLL120  
YDSVYLTLYN ICFTSLPILI YSLEQHVDP HVLQNKPTLY RDISKNRLLS IKTFLYWTIL180  
GFSHAFIFFF GSYLLIGKDT SLLNGQMFG NWTFGTLVFT VMVITVTIKM ALETHFWTWI240  
NHLVTWGSII FYFVFSLFYG GILWPFLGSQ NMYFVFIQLL SSGSAWFAII LMVVTCLFLD300  
IICKVFDRLH HPTSTKAQM YSNTVALSDE FIALQPLSRA RNQLSKLSLL KQMQVSSAWT360  
45 PCAVSRKEKQ RVHLLLECWN EL 382

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(A) LÄNGE: 85 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

QELNKKHKIHI LGAQKWPENP SIKQGKYKIK YNRSPGNEMV DPSPKMSFQS HLYCDCNNHD60  
CEDQSAKCPV SKHLAISKQR CIPFY 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

15 (A) LÄNGE: 496 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

35 RLEKGPLPFQ MPGMRLPETQ VLPGEIDETP LSKPGHDLAS MEDKTEKWSS QPEGPLKLKA 60  
SSTDMPQSIS VVNVDQLWED SVLTVKFPKL MVPRFSFPAP SSEDVFIPT VREVQCPEAN120  
IDTALCKESP GLWGASILKA GAGVPGEQPV DLNLPLEAPP ISKVRVHIQG AQVESQEVTTI180  
HSIVTPEFVD LSVPRTFSTQ IVRESEIPTS EIQTPSYGFS LLKVKIPEPH TQARVYTTMT240  
QHSRTQEGTE EAPIQATPGV DSISGDLQPD TGEPPFEMISS SVNVLGQOTL TFEVPSPGHQL300  
ADSCSDEEPA EILEFPPDDS QEATTPLADE GRAPKDKPES KKSGLLWFWL PNIGFSSSV360  
ETGVDSKNDV QRSAPIQTQP EARPEAELPK KQEKAGWFRF PKLGFSSSPT KKSSTEDGA420  
ELEEQLQEE TITFFDARES FSPEEKEEGE LIGPVGTLGD SRVMVTSAAAR TELILPEQDR480  
40 KADDESKGSG LGPNEG 496

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

45 (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

5

SLPASYWDS KSHSLKFLLA TSLQTAVQMR SQQKFLSFPL MIAKRQPHHW QMKAGLQKTN 60  
QKVKNLVCSG FGFQTLGFPL LLMRQVLIPK MTSRDLLPFK HSLRHDQRQN CLKNRRRQAG120  
SDFPN 125

## 10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

(A) LÄNGE: 130 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

MGADLWTSFL ESTPVSTEE ENPMFGSQNQ SRPDFLLSGL SFGALPSSAS GVVASWLSSG 60  
GNSRISAGSS SEQLSASWWP EGTSNVSVCC PSTLTLEEII SNGSPVSGWR SPEMESTPGV120  
ACMGASSVPS 130

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

50

VVYRGVKCFI DKKKKTALEP TYSSSSSSSS SSSSSSSSSS SSSSSSSSSS SSFFFLFSA 60  
LTTFFFAASG FPLARYAAIS FSYFSFTSQP SFHKAACHLQ QCYSTSLPVS SQHHQWTGQD120  
VLL 123

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

- (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

KKLYLLRSIQ NVNKTAAIFF LQLQSGIQLT EQQLSSYKLH QRQLKMKKIK PKKTKRKKK 60  
KKQKTKLPSP YITNLCCAPT RTCFKFPCQF TTPILYQARL VAIENTTRTG LSKDTFGSVL120  
TIQKKTLYSL KTNLTQPYIS IFFFKRSELC TGGINAL 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

LNMKGKDPKK PRGKMSSYAF FVQTCREEHK KKHPDASVNF SEFSKKCSER WKTMSAKEKG 60  
KFEDMAKADK ARYEREMKTY IPPKGETKKK FKDPNAPKRP PSAFFLFCSE YRPKIKGEHP120  
GLSIGDVAKK LGEMWNNTAA DDKQPYEKKA AK 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

- (A) LÄNGE: 281 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

10 SG SAGAPGPRG PRATESGKRM DCPALPPGWK KEEVIRKSGL SAGKSDVYYF SP SGKKFRSK 60  
PQLARYLGNT VDLSSFDFRT GKMMPSKLQK NKQRLRNDPL NQNGKGPLN TTLPIRQTAS120  
IFKQPVTKVT NHPSNKVKSD PQRMNEQPRQ LFWEKRLQGL SASDVTEQII KTMELPKGLQ180  
GVGPGSNDDET LLSAVASALH TSSAPITGQV SAAVEKNPAV WLNTSQPLCK AFIVTDEDIR240  
KQEERVQQVR KKLEELMAD ILSRAADTEE MDIEMDSGDE A 281

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

35 IIDIYIKNTS KKALVSAIKK LYVLGYIFFL TGKSQWKHFC SISRNFLLGK VGRKLPDHIL 60  
RLHLHCPFQY PSLLYQQLAT RCLPSVLLPI SCVLAVLALP VS 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
40 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

IYTSKIHLKR HWLVLLKSSM CSGTFFFLQA KASGNIFVQF LGIFSWGKSV ESYLIIFLGF 60

ISTVHFNIHL FCISRRQDV CHQCFQFLA YLLYSFLFP DVFICDNKSF AEGLRCVKPN120  
SRVLFHSSGD LPCDWRRACV QSTGNSR 147

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

- (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

ECPLGARGPW EPRHPFLGR GARSRHPC TH GRLAPPQSPP HSQQPFHSHC PSRSPQPSLR60  
PHPHPLRAQG CNPSLSTTHR WYSWG 85

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

- (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
30 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

NALWGPGAPG SPATLSHLAG VPAAATPARM AGWHPPRALP TASSLSTVTA LPAVPSLPYG 60  
45 LTRTPSEPRATPHYPPRTD GTAGAEQPHV EPERVPGARG QDAGGRMTAC PCLTSWGTTTL120  
DRGIGQDP 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

- 50 (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

MPFGGQGPLG APPPFPTWPG CPQPPPLHAW QAGTPPEPSP QPAAFPQSLP FPQSPAFPTA 60  
SPAPPQSPGL QPLIIHHAQM VQLGLNNHMW NQRGSQAPED KTQEAE 106

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

GNPELPWRKF QCQHSCSLWP SPTLWPEIPQ SNLEPKRTQR TLDPNCPRPS PEVGVTNSSG60  
LRHMKKLYIN PRQATNP 77

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

40 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

PPTHTRQVGE EIQSCHGENS SVSILAPCGP LLHSGQRYHS QTWSQKGHGK LSTQTAPDPL60  
QRLG 64

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
10 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

25 RLSCAGTLSG SGPSPSRRLT QGRWVRKSRV AMEKIPVSAF LLLVALSYTL ARDTTVKPGA 60  
KKDTKDSRPK LPQTLRSGWG DQLIWTQTYE EALYKSKTSN KPLMIHHLD ECPHSQALKK120  
VFAENKEIQK LAEQFVLLNL VYETTDKHLN PDGQYVPRIM FVDPSLTVRA DITGRYSNRL180  
YAYEPADTAL LLDNMKKALK LLKTEL 206

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

30

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

## 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

RVFQEEELVR RQRNGASGPR PGLRRLRGGR RAVRRKERLL HRQLPAVHKR GARVKLSSPE 60  
RDVERDVFLY RAYLAQRKFG VVLDEIKPSS APELQAVRMF ADYLAHESRR DSIVAELDRE120  
MSRSVDVTNT TFLMAASIY LHDQNPDAAL RALHQGDSLE CTAMTVQILL KLDRLDLARK180  
50 ELKRMQDLDE DATLTQLKVL VSLQRV 206

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

LPRPRESEGG HRGRAGPRDE QERGRDQHHL PAHGRHLHSP RPEPGCRPAC AAPGGQPGVH 60  
SHDSADPAEA GPPGPRPEGA EENAGPGRGC HPHPAQGLGK LATGVKAQGS F 111

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

GTILPIPEIR RILELLHPLQ AYQDLELGEG GILVQVLHSL QLLPGEVQAV QLQQDLHCHG 60  
CALQAVPLVQ RTQGGIRVLV VEIDGGGHEQ EGGVGHVHAP AHLVQLGHD AVPPTLVGEV120  
VSKHAHGLEL RGRGGLDLIQ DHTELPLRQV RSIQEDVPLH VSLWA 165

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

45

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

LLSMRMILKP QSFMI LMLR SSNRVTWKLL LIGLDYIRYQ MENQKTSLLL MENSCTRLLL60  
LKLLNPLINV GKHCL 75

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

(A) LÄNGE: 340 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

RTVIDAMSAL LRLRLTGAPA AACLR LGTSA GTGSRRAMAL YHTEERGQPC SQNYRLFFKN 60  
30 VTGHYISPFH DIPLKVNSKE ENGIPMKKAR NDEYENLFNM IVEIPRWTNA KMEIATKEPM120  
NPIKQYVKDG KLRYVANIFP YKGYIWNYGT LPQTWEDPHE KDKSTNCFGD NDPIDVCEIG180  
SKILSCGEVI HVKILGILAL IDEGETDWKL IAINANDPEA SKFHDIDDVK KFKPGYLEAT240  
LNWFRLYKVP DGKPENQFAF NGEFKNKAFA LEVIKSTHQC WKALLMKKCN GGAINCTNVQ300  
35 ISDSPFRCTQ EEARSLVESV SSSPNKESNE EEQVWHFLGK 340

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

LSILYILFNG IHWLLGGNLH FSICPPRYFY NHIKQILIFI ISCFLHRNAI FLFRVHLQRN 60

IMKGGNVVTS YILKEEAVIL RAGLAALLSV VQGHSTARPG PCTGPPQAR SGWGTRAQQP120  
 QQRAHGVNDG P 131

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

5

- (A) LÄNGE: 436 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

25

GRGMGRVQLF EISLSHGRVV YSPGEPLAGT VRVRLGAPLP FRAIRVTCIG SCGVS NKAND 60  
 TAWVVEEGYF NSSLSLADKG SLPAGEHSFP FQFLLPATAP TSFEGPFGKI VHQVRAAIHT120  
 PRFSKDHKCS LVFYILSPLN LNSIPDIEQP NVASATKKFS YKLVTGGSVV LTASTDLRGY180  
 VVGQALQLHA DVENQSGKDT SPVVASLLQK VSYKAKRWIH DVRTIAEVEG AGVKAWRRAQ240  
 WHEQILVPAL PQSALPGCSL IHIDYYLQVS LKAPEATVTL PVFIGNIAVN HAPVSPRPGL300  
 GLPPGAPPLV VPSAPPQEEA EAEAAAAGGPH FLDPVFLSTK SHSQRQPLLA TLSSVPGAPE360  
 PCPQDGPSPAS HPLHPPLCIS TGATVPYFAE GSGGPVPTTS TLILPPEYSS WGYPYEAPPS420  
 YEQSCGGVEP SLTPES 436

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

35

- (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

50

SVLFTGVVSP GPSSLPPPPQ PQGEEGGCRG AGRGWAGPEW ARLGQERRHE ALGAPVPGQR 60  
 PGLPGEGETG SALRGQAGFH AAAALLIRRW GLIGVAPRTV LWRKNQGAGS GHWPPGALCK120  
 VGDSGTC 127

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

- (A) LÄNGE: 213 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

LVLNVGMQLQ CLPHHIAAEI SAGCEDHAAR LHQLVGELLG GRGHVGLLNW WDAVQVQGAQ 60  
 DIEHEAALVI LGKPWRVDGG PHLVHDLPER TLKGRGCSGR KQELEGEAVL SSGQAPLVCQ120  
 RQGTVEVTLL HYPRCVISLV GDPAGTYAGH PDGSERQRCF QAHAGGPSQR LPGAVDDAAV180  
 AQADLEELHS PHAAASPASR AATPPPAARE SRL 213

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- (A) LÄNGE: 635 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

GGVSPWRACV QORMEESPE RKRARTDEVP AGGSRSEAED EDDDYVPYV PLRQRRLLL 60  
 QKLLQRRRK G AEEEEQDSG SEPRGDEDDI PLGPQSNVSL LDQHQLKEK AEARKESAKE120  
 KQLKEEEKIL ESVAEGRALM SVKEMAKGIT YDDPIKTSWT PPRYVLSMSE ERHERVRKKY180  
 HILVEGDGIP PPIKSFKEMK FPAAILRGLK KKGIIHPTPI QIQGIPTILS GRDMIGIAFT240  
 GSGKTLVFTL PVIMFCLEQE KRLPFSKREG PYGLIICPSR ELARQTHGIL EYYCRLLQED300  
 SSPLLRALC IGGMSVKEQM ETIRHGVHMM VATPGRMLD LQKKMVSLDI CRYLALDEAD360  
 RMIDMGFECD IRTIFSIFKG QRQTLLFSAT MPKKIQNFAC SALVKPVTIN VGRAGAASLD420  
 VIQVEYVKE EAKMVYLLEC LQKTPPPVLI FAEKKADVDA IHEYLLKGV EAVAIHGGKD480  
 QEERTKAIEA FREGKDVLLV ATDVASKGLD FPAIQHVINY DMPEEIENYV HRIGRTGRSG540  
 NTGIATTFIN KACDESVMMD LKALLLEAKQ KVPPVLQVLH CGDESMLDIG GERGCAFCGG600  
 LGHRITDCPK LEAMQTKQVS NIGRKDYLAH SSMDF 635

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

15

KPSRRRCRPPC RCCIAGMSPC WTLEESAAPV SAGAWVIGSL TAPNSRLCRP SRSATSVART 60  
TWPTAPWTSE PTVFPSLQEA SVPKTATSLH IQQPPGQNH FSSAGLEWAR LVLAACSLCS120  
SELLFLFPFT PAAIKAQTSS PKKKKKK 147

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193

- (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

40 DILLALPECL DGLSPFLLVF APMDGYGLNP LEQQVLVDGV HVCLLLCKDE YRRGCLLQAL 60  
EQVHHLGLLL HIFYLLDDIQ AGSPSAPHID GHRLYKGTLS KVLNLLRHGG TEEQGLSLAL120  
EVGEDGTDVT LEAHVDHAVS LVQGQVATDV 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194

- (A) LÄNGE: 310 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

10 EAPAAARTQS PAAAAQRGDN VYVTEVLQT QKEVEVTRTH KREGSGRFSL PGATCLOGEG 60  
QGHLSQKKT V TIPSGSTLAF RVAQLVIDSD LDVLLFPDKK QRTFQPPATG HKRSTSEGAW120  
PQLPSGLSMM RCLHNFLTDG VPAEGAFTED FQGLRAEVET ISKELELLDR ELCQLLLEGL180  
EGVLRDQLAL RALEEALQEQ QSLGPVEPLD GPAGAVLECL VLSSGMLVPE LAIPVVYLLG240  
ALTMLSETQH KLLAEALESQ TLLGPLELVG SLLEQSAPWQ ERRPCPCPPG SWGTAGAKEH300  
15 RPGSCWTSVA 310

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195

20 (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

35 TTGIASSGTS IPEDNTRHSR TAPAGPSRGS TGPRLWPCSS ASSKARRASW SRSTPSRPSS 60  
SSWHSSLSKS SSSLEMVSTS ARRPWKSSVN APSAGTPSVR KLWRHLIMER PEGSCGQAPS120  
LVERLWPVAG GWKVLCLFLSG KRRTSKSESI TSWATRNRARV LPEGMVTVFF WLRWPWSPC180  
KHVAPGRENR PEPSRLWVRV TSTSFVCVST SVTTYTLSPR CAAAAGLCVL AAAGASHGAE240  
SARC 244

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196

45 (A) LÄNGE: 229 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

5

TGHMATGLLA FLGLAAGGQT LCPAGELPGH ARAQASGAPG SVLIAVPGRR RVHTCGPGPA 60  
APSTRGECPP PALGHTRPAR PRPVLLRPSC SPGARGAGTW SALLPRGTLL QEAAHQLERP120  
QQGLRLQRLR QQLVLRFTQH GQCPQQVDNR DSEFRHQHSG GQHQALQDST CWTVQGLHRP180  
KALALLQRLI QGSQGLVPQ HPLQALQQQL AQLSVQKLQF LGDGLHLCP 229

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

TEILPVFVRL AGVPICSTGN ASAMLQPKP GLSLQQQAEP CLWSGAVHSS VCLVLGLELD60  
RGGVSSPSLN SEQTLCLAPV CPGNSPGPHW EPLVF 95

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

AVPRGSLRED GKVRCMSNLL MAGSPLCPLS LALVIAELCA QCCGLAVARL FLWGARAGCG 60  
NQSSQTDVSQ AEDSFLAEVS PHLQVSGWGG ARRGHPTCL T 101

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199

- 5 (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

20 VRHTSHLAVL TQGAPGHCSC AAWALLLRTP RAPNEGLGNC LGTLGPPTGS VLNSGKVKRP 60  
HLYPAQAQEQ GRQSCGQHPT TDTVLPAGV RGLVSEAAAW HWHCLCYRWG LLRVSQIQGE120  
FQFTQPKGPV CRAALTRAQQ HSTELGKGRG ERVKD 155

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200

- 25 (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

45 RMKCSQPPRC HFQSDFFQKCA PCPRAQTHWL EPPGRVQTIS SMRNAQKGFA DSIRLWRLPA 60  
SGVGWVVSPP IQTQEVAPFG MYLVGSSSGT LGGCRALTQV FLSLSSLGCV CACACACLCF120  
SLWAHQDAPR RACARVPT 138

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201

- 50 (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH.

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

VHGREARLGT LAGTAALKPA LLSGYQTFKG QDVLRRVPVA ARRPAGACPR VTAWRCWGSG 60  
HLPCLCQEG EAFEEASVLA ARSLSQPLPG SCTGQGLIPC HAGPLEQVGW GWYVLSPPW120  
15 QPCPLGKVIS DL 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

35 RLFIGCSLQN KQRWDWGPSL GPCTPLSRAY NHVHRPGRGP ALCPTKSSLH QSSWSPPLRD 60  
PAQLPRSWG I GTRVPWRVQE MRRIPCTLRR TPTPELWSRG HCERRQERH VEDTLTDPVG120  
SGRAEDRHTK P 131

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

5

LAAIKDQLEG VQQALSQAAP IPEEDTDTEE GDDFELLDQS ELDQIESELG LTQDQEAQ60  
QNKKSSGFLS NLGGH 76

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204

10

- (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

RVCSKHFLRL PPSQKRTQTL KKVMTLNYLT SQSWIKLRVN WDLHKTRKQK HSKIRSLQVS 60  
FQICWEAINL GISLQQSTKN TKKISNKKKK KKRKRKKLNC KL 102

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

ICLHHNHCLC DTQLLAFYGL IPPTARLEMA VNGACFFTNK PKSTTAEITW KRFSLSRVLK60  
YTFKFPPKKL ILIVFPKSFN 80

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206

- 5 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

20 GKPAALEAHQ GSRLQGRSRE QAAIPPLLSS RTQLCGLGFL FAGLAPCRTL VLELEGPILP60  
RGDSQGCRGI GWRRVL 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207

- 25 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

40 NLRVSQLPWK PTRAPDCREE AGSRQPYLHS CPQGLSCVAL DFFLRDLRPA GHWCWSWRVL60  
SCPGVTPRVA GG 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208

- 45 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

10 PGMSSLQDRH GRTIWFQVGP YCSHRQRPQE ADGWKRGVTI TGVVMLRVCL DPPRTTLFLR60  
VTPLPSHASQ GCS 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209

15 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

30 QRWLWTSSTS PCWIRAFLEPP AGQVWPCSLG RAPAPLTLQ LTMQLMPKLW CPVCSSPGSH 60  
CHLQRGSLLR PTLHLAPPW LLAWPNLAFD AMLELELLLF FRGGNRVESG KGLAPKCCCC120  
GFFAFSKDAL PGPKLQTAVL SKQVRSLEFG AHLLSGSISI LLLATSGQRP PQPHIARCWQ180  
KG 182

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210

40 (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

VGPGKQPWWG QVKQCGSQQG TPLKVAVAPR AAAHWTPQLW HQLHGELQSG QRGWGPAKRA 60  
RPDLPSGRQE GPDPAARRSG SPQPPLLLIA TGTSGDRLCS WESRSPGFVG LPAGDRHVSH120  
RERPGSRPQL 130

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

VTGKGRDPGL SCSSSWKRWS RTVTIHADTE QQYETEQLRA VSSSAEAAWA ATPPFCNHMP 60  
MSPPHLTSRW GWMAEQMKPA LWRGSLTEMH TFMGEVDGHL TSLMFHTVDC T 111

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212

- (A) LÄNGE: 243 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

DVQVAGPEPD CRVHSHVLPQ QAHRLAPGPY SVGESLQPRE GCEDCDRQKA NLRIRFKPSL 60  
FQHVGTTHSSL AGKIQKLKDK DFGKQALRKE HVNPPAEVST SLKTYQHFTL EKAYLREDDFF120  
WAFTPAAGDF IRRFRFFQPLR LERFFFRSGN IEHPEDKLFN TSVEVLPFDN PQSDKEALQE180  
GRTATLRYPR SPDGYLQIGS FYKGVAEGEV DPAFGPLEAL RLSIQTDSPV WVILSEIFLK240  
KAD 243

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213

50

- (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

15 GRTGVSVMVG IPSVRREVHS YLTDTLHSLI SELSPQEKED SVIVVLIAET DSQYTSVTE 60  
 NIKALFPTEI HSGLLLEVIS SPHFYPDFSR LRESFGDPKE RVRWRTKQNL DYCFLMMYAQ120  
 SKGIYYVQLE DDIVAKPNYL STMKNFALQQ PSEDWMILEF SQLGFIGKMF KSLDLSLIVE180  
 FILMFYRDKP IDWLLDHILW VKVCNPEKDA KTVTGRKPTC GSASNRPSST TWALTPRWLA240  
 20 RSRN 244

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214

25 (A) LÄNGE: 210 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

40 PAESQPADPL QTVPLPARGH SLLAGWQDPE TEGQRLWKAG AAEGACEPAS RGEHEPEDIP 60  
 ALHPGESLPA RGLLLGLHPC RGGLHPLPLL PTSKTGAVLL PQWEHRAPGG QALQHVCGBA120  
 ALRQPSVRQG GPAGGPHRHP PVPSEPRRLP PDRLLLQSGS RGRGGPSLRP SGSTAPLDPD180  
 45 GLPCVGDSEK DLPEKGRLLSC GLLRVPCGQP 210

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215

50 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

GGAGLVHGSA DWPCCLAPWRV SSCFLPGTEL RGLGAPGAKS RLWCRGGGLS LNRHPEVLLR 60  
CWVHPPEWHGE QLWPVLLPRP VLGKLSSGPS LQRPRMGWVW GTHGEWPEEL RVKRAPVCWL120  
QRPGAPLS 128

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

FPQDWPRKEH RPQLLPVPLR VDPASQEHLR VSVKRQASTP APEPALSSRC PQTPQLCARQ 60  
EAARHTPGRQ ARPVRGPMDB PSPASGKTGP FPTGHAPELW QIAGAIWGE FNKSPFENEK120  
KKKK 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217

40

(A) LÄNGE: 142 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

5 VPHTHPILGL CKEGPESLFP RTGLGRSTGH SCSPCHSGWT QHLRSTSGCR LRDRPPPLHQ 60  
 SLLAPGAPR PRSSVPGKKQ LDTRQGAHKG QSADPWTSPA PPQGKQGLSL QDTPQSCGRL120  
 QEPSCGENLI KALLKMKKKK KK 142

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218

10

- (A) LÄNGE: 379 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

RRGLEGFNGG WTEPGILWM EPTQPPDFAL AYRPSFPEDR EPQIPYPEPT WPPPLSAPRV 60  
 PYHSSVLSVT RPVVVSATHP TLPSAHQPPV IPATHPALSR DHQIPVIAAN YPDLPAYQF120  
 GILSVSHSAQ PPAHQPPMIS TKYPELFFAH QSPMFPDTRV AGTQTTTHLP GIPPNHAPLV180  
 30 TTLGAQRPPQ APDALVLRTO ATQLPIIPTA QPSLTTSRS PVSPAHQISV PAATQPAALP240  
 TLLPSQSPTN QTSPISPTHF HSKAPQIPRE DGPSPKLALW LPSPAPTAAP TALGEAGLAE300  
 HSQRDDRLL VALLVPTCVF LVLLALGIV YCTRCGPHAP NKRTDCYRW VIHAGSKSPT360  
 EMPPRGSLT GVQTCRTSV 379

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219

- (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 40 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

VDTDECQIAG VCQQMCVNYV GGFECYCSEG HELEADGISC SPAGAMGAQG SQDLGDELDD 60  
DGEDEEDEDE AWKASTVAGR RCLGSCGWSL RSRLTLPWPI DRASQRTESH RYPTRSPPGH120  
PRSVPPGSPT TPQCSPSPGL WWSLPRIPHC LLPTSLL 157

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220

(A) LÄNGE: 211 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

PPPPGPLCLL PIKSLCLLPP SPQSPPPSCP LRAPLTRPHP SALHIPKPK PKSQQKMAPV 60  
PSWPCGCPHQ LPQQPQQPWG RLVLPSTARG MTGGCWWHSW CQRVSEFWSC LHWASCTAPA120  
VAPMHPTSAS LTAIAGSSML GARAQONPCP PGAASQGCRP AEPACDGVQT PLMEYGALDT180  
WPGLHQGPMG AAQLDRWLPA PQAQPGSSLN H 211

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

LGEPQISGAQ PGRVWGQLCQ STSQAHPPLG MPWDHGQGR L WGSETPLLST PSQNTLRVSG 60  
LWREWGGGRKN WHLPREGDER FALILREASE KCFKVCVMRQ AVSGGGLSSP LPPSF PK 117

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222

- (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

NKESSSLKSS DVVMTHTESC ITVASRATHL FGLSDGHSFT TQQQTPHTGT RMSASTWEAV 60  
 AEPGRWPGPD HGLSGAGHQG VRVPMPLPQGV GMTGRSLVTR QWTSLGEGWR ERAGQAPAAH120  
 RLAHANTLKA LLGGFSENQG EALVSFPRKV PILPPAPLSP EPRDPQGVLA GGAKQRCCLRP180  
 20 PEPSLPMIPR HARQGVGL 198

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223

- (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

40 SHGMPGRGWA CEVDWHSCPH TLPGWAPETW GSPSQHGVLG ACPGPFTRTE APHPLSHFSR60  
 WKTQRRKRPW GGVPSCLQLA PWVPLCGGSP DSISASE 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224

- (A) LÄNGE: 298 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

10 ATRRRAAEAG MAAVLQ RVER LSNRVVRVLG CNPGPMTLQG TNTYLVTGTP RRILIDTGE 60  
AIPEYISCLK QALTEFN TAI QEIVVTHWHR DHSGGIGDIC KSINNDTTYC IKKLPRNPQR120  
EEIIGNGEQQ YVYLKDG DVI KTEGATLRVL YTPGHTDDHM ALLLEENAI FSGDCILGEG180  
TTVFEDLYDY MNSLKELLKI KADIIYPGHG PVIHNAEAKI QQYISHRNIR EQQILTFLFRE240  
15 NFEKSFTVME LVKIIYKNT P ENLHEMAKH N LLLHLKKLEK EGKIFSNTDP DKKWKAHL 298

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

35 GFSWGRSPLG RCWCLGGSWD PGYSPHARL DWTAARRAAV QQPFPPQPPA GVSPIWIL 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren

40 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

SGSLSLNHIS IFQINILLIS ISYNFFSLRI PWEFFNAIGS VIIDAFTNIS YASRMISVPV60  
SHYNFLDCCV KFS 73

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227

(A) LÄNGE: 141 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

25 AFLLRPSVTA STRLLPVCAS PRSSPGPSA QQQQAWQQAW SSARAPSRRCR ARPSSSERPC 60  
PAVGRLASLY CCCMVFASPP RRGRTWVHCT GWPRLATGLW PLTCQVWGTP RKQQPLPLL120  
SWPLAASWRL WWPWSWAPR L 141

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228

30

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

VPPPALGHRQ HAPASRLRES TQLPRPFTST AAAGMAASVE QREGTIQVQG QALFFREALP 60  
GSGQARFSVL LLHGIRFSSE TWQNLGTLHR LAQAGYRAVA IDLPGLGHSK EAAAPAPIGE120  
LAPGSFLAAV VDALELGPPV VISPSLSGMY SLPFLTAPGS QLPGFVPVAP ICTDKINAAN180  
50 YASVKTPALI VYGDQDPMGQ TSFEHLKQLP NHRVLIMKGA GHPCYLDKPE EWHTGLLDL240  
QGLQ 244

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

WTDHNRGAQL QGIHHSRQEA ARGQLPNRGR GCCFLGVPQT WQVNGHSPVA SLGQPVQCTQ 60  
VLPGLGGEAN TMQQQYREAS LPTAGQGLSE EEGLALHLDG ALALLHACCH ACCCCAGEGP120  
20 GELRGLAQTG SRRVLAVTEG RRRN 144

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230

- (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

LEFFIPCLGS VNEACLFPGV SFHGLYFSSS SGSFAGSSLW KLHERWLGLG FAGVYSRVKA 60  
EWDLRPRLGT TQAEKGRFHH SQCPPHSTTS ARAPPSLLPH PAIVRGATVG RRVPRRGLFL120  
40 LPVPEKAFPL LKFKH 135

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

GGPVCWEPQV TPFSSYSVPG ASCPPLQILG KENVYVAGYC MVTSEGRPLG THLPTAAQAR60  
AQAHLVLRLP QIKPSPHHMA SDRFLPSRKF CGCAVL 96

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

CCGEGTVNDG NVPSQPGSCL TWVSNPTLPS PWSTLQRSRG PANAREVSTE KSLQNSHWKR60  
RNKGHGKKPQ GRDRPRSQTL GRE 83

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

ASPASLAQAT SRQPAPSPRA RSHLATSTSW TSSARSDAGC GECRRDPGAP PR

52

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

LGSAAWQLRR PEASETLRLV GTHRPRQRAL PRQRVASPPP RRLGLTSPP VRLGQVVPGL60  
MPGVVSAAGT QVRRLEVPV SLRLQHHLL REGI 94

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

ARPSRSWRWC CSRSDAGTSS RRRTWVPAAL TTPGIRPGTT CPRRTGGEVR PSPRRGGGLA60  
TRCLGKARWR GLCVPTSRRV SDASGRRSCC QAEPR 95

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236

(A) LÄNGE: 174 Aminosäuren

50

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

15 APTNTRSSSK FATSGSPGY IASSGASPEV RQRRTTFFRF RPGESLCGDM KLLTHNLLSS 60  
HVRGVGSRGF PLRLQATEVR ICPVEFNPNF VARMIPKVEW SAFLEADNL RLIQVPKGPV120  
EGYEENEEFL RTMHLLLEV EVIEGTLQCP ESGRMFPISR GIPNMLLSEE ETES 174

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237

20 (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

35 YRAQKHCWVC HWVKGWGYTR QNSETGYRST KIHSHNKNW RLAQSTLSFL FTQQHVGDP 60  
ADGEHTSRFR ALQGALYHFH LQQQVVHGPQ KLLILLISLN RPFRLDQTQ VIGRLQERRP120  
LHFRYHTRHE VGVEFHRADT DLGGLEAQGE ATGPHPPHMR AQQIVGKQFH VAAQTLARPE180  
40 PEKGRPPLPH FRGCSTRCYW IARRTGSGEL AGTSRVCGSS FLYAN 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238

(A) LÄNGE: 209 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

TFNEKKIYNT ELKNTVFGVI GSRVGDTHGR IRKQGIDQQK YTVITRKTGA WHNQLSVSSS 60  
LSSMLGIPRL MGNIRPDSDH CRVPSITSTS SSRWCMVLN SSFSSYPSTG PFGTWIRRL120  
10 SAASRNADHS TLGIIRATKL GLNSTGQIRT SVAWRRRGKP RDPTPRTCEL SRLWVSSFMS180  
PHKLSPGRNR KKVLRCLTS GDAPLDAIG 209

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239

15 (A) LÄNGE: 146 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

30 INAFSHRNAK ININPPDAVA AALRPKSQRP RLTIKVFSE SVGVSVNGCA LGGTVERCAK 60  
SELQTIGQGH GVATRRRLSA GAPPRTHSQQ SSHWHEELKNK HLQGRGKRPR SRRSRARASA120  
ARGAPTGSQR GGSPKRARSG RSRVLA 146

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240

40 (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

SRTFSFLSFL HCANILTLFV SFQEPHRHIQ VKRSLNKCLQ PSQCKNKYQS SRRSSSRAAP 60  
 KVPTATPNNY KSVQRECWRE CEWVCAGGHG GAVCKIGVAN HRTRAWSGYP PPTQRGRASP120  
 HTLTAEFALG RVKK 134

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

25 PARTDRPFL ARFGLPPRCE PVGAPLAALA LARERRERGR FPRPCKCLFF NSSQCELCCE 60  
 CVRGGAPALS RRRVATPCPC PMVCNSDFAH RSTVPPSAHP FTLTPTLSLN TFIIIVRRGRW120  
 DFGRSAAATA SGGILIFIFAL RWLKAFI 147

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242

- 30 (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

45 PVLCRGNSGS LSRKFPPKPQ KPADKDHPRV CVYLENRSPG KSDLSATPGR SGLESQYQNL60  
 LRQHQPGRG PTWPGSRWKV PRRFPGYG 88

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243

- 50 (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

15 QDGCPDSGDF AALQSLKAS SKDVVRQLCQ ESFSSSALGL KKLLDVTCS LSVTQEEAEE 60  
LLQALHRLTR LVAFRDLSSA EAILALFPEN FHQNLKNLLT KIILEHVSTW RTEAQANQIS120  
LPRLVDLDWR VDIKTSSDSI SRMAVAPPGL VPDGRFQGGG QAMG 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244

(A) LÄNGE: 87 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

FAWASVLQVD TCSRMIFVSR FLRFWWKFSG KRARIASAE RSRNATSLVR RCRAWSSSSA60  
SSWVTDKLEH VTSKSFFKPR AELEKLS 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245

5

DGPGGPTAHP HRCAPPGVC PGQAPAHLL CAAAPGHPGQ GQQPAAGGLV GDADRAGDLE 60  
CSPRRIFLHP RLHPPRHLGS CHLDRGCGCA GWSCCLHLRE TGWYILGPAE DSASAGSFLH120  
SHRCPQTLE 129

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246

(A) LÄNGE: 268 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246:

ASPSNSQPTS PASAPALPPP ARRSRGAQTV SLTMGTADSD EMAPEAPQHT HIDVHIHQES 60  
ALAKLLLTCC SALRPRATQA RGSSRLLVAS WVMQIVLGIL SAVLGGFFFYI RDYTLLVTSG120  
AAIWTGAVAV LAGAAAFIYE KRGGTYWALL RTLLALAAPS TAIAALKLWN EDFRYGYSYY180  
NSACRISSSS DWNTAPPTQS PEEVRLHLC TSFMDMLKAL FRTLQAMLLG VWILLLLASL240  
APLWLYCWRM FPTKGKRDQK EMLEVSGI 268

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247

35

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

50

DCTQDPQHDL HHPRGHQQPA AAPGLGGPGP QRRAGEQEL GQGRLLVDVH IDVGVLWGLR 60  
GHLITVGCSH CQGHSLRSSG PASGRREGWG AGWRSGLRVG GGG 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248

5

- (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

GSRRRDGGGA GAAPVAPRAL GRRARAGRCS EDEGGGGAQR VWGEQPVLAS GQSPPGQEGS60  
FTRVWTRASL PTLGQVLQPG GVHVQV 86

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249

- (A) LÄNGE: 154 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

ARGGAMAAGL ARLLLLGLS AGGPAPAGAA KMKVVEEPNA FGVNNPFLPQ ASRLQAKRDP 60  
SPVSGPVHLF RLSGKCFSLV ESTYKYEFCP FHNVTQHEQT FRWNAYSGIL GIWHEWEIAN120  
NTFTGMWMRD GDDCRSRSRQ SKVELACASP SNCV 154

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

50

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

15

PLDAVARART RQLHLALPAP GTAVVTVPHP HAREGVVVDL PLVPDAEDPT VGVPAEGLLV60  
LGHVVERAEL ILVRGLHQAE ALARESEEMH GSRHG 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251

20

- (A) LÄNGE: 240 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

35

KVTDGHTTRTP RSGVPRQHEA GSPGLTASHA MSIHLAAGSLT AMDSICASER SQGVWRAPTP 60  
GCQGLSPGPR PGELPGGSSP EERLGRlava GPPRGAQNVS QAGPEAEAPP LRFHAWGAQ120  
TPRLGAPGPW TPLPTLPSHI PPFWSQTPAQ RKEGFTEEGQ GRAWPQGGDE DISGPGSCRL180  
LWEEEPVCVK LLGLAARPTA GPSLDPCTWP SSCPLAAPGL GTGIEPRGLG WLQQRDREG240

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252

- (A) LÄNGE: 216 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

10 GLVMPGELRR PGLGPQAHGL PSPLCPPIFP LFGPRHQHKE RRGSRKARA EPGPREGMRT 60  
FPVQVAAGCS GRKSHASVNC WGWRRPAPLQG PALTPARGHP AALWLPLALA QASSLEGWAG120  
WARAGTGRGS TSDPDVGWLC PPRREAQOTS YTKAKSTIGE PRSHFMGRRP RPQGPQSKAR180  
GRFIPEDSPP GAAPAWGGVS RPLGCLSVCG TPWSTP 216

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253

15

(A) LÄNGE: 218 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

VLRRLYIYIL YITNMKWEST QPLWLNTKQR SHRRGPGPPP APLSGVLGSR GLPHHPSQGW 60  
GRAGPRAGAN VAWNSNCIVR WVGGQWARGC SQPGPFTTNL AMTCGGPWGS GCLLGSTLSE120  
VSPWAPPSCP QGHVPVLPTRL WAWGLQDPLC RVRVGAGHGS RHQPDAPVGV ARSWDGVVRN180  
35 TAPKTQNKNT TNGRRSPPT EVGFPELLIF PVSFLQPW 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 254

40 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

RDGGGAGAAP VAPRALGRRR RAGRCSEDEG GGGAQRVWVS SLAGWRLEGR TARARSPLTL60  
PLPVGGTTRS CLRPFVSRP 79

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 255

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

LGLEATGLRQ ERVVPPTGSG KVSGERARAV PRSSRQPARL LTQTRWAPPP PSSSLHLPAR60  
ARRPRARGAT GAAPAPPPS 79

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 256

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

WPGGDWPEAR TGCSTYGKRQ GQRGTGPGRP PLEPPAREAA HPNALGSSTT FIFAAPAGAG60  
PPAESPRSNR SRASPAAIA 79

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 257

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

50 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

15 GHLGGPTGSV CSRILLASSP FYMNCCINKH RVPETTEVII LPTECWPGQA W 51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 258

20 (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 258:

35 GGGFLGQIDK SKDNISLVTV IQLHSYTVAL FGLSHEEVLV TNYVFGCF 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 259

40 (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
50 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 259:

AFTRNTTNKV SDMLANQARL RSLRRPNWLC LLKDSSGLVS ILHELLHK

48

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 260

(A) LÄNGE: 179 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 260:

PGISVSVDKM ESSPFNRRQW TSLSLRVTA ELVLNKNKS SAIVEIFSKY QKAAEETNME 60  
KKRSNTENLS QHFRKGLTV LKKKWENPGL GAESHTDSL NSSTEIRHRA DHPPAEVTS120  
AASGAKADQE EQIHPRSLR SPPEALVQGR YPHIKDGEDL KDHSTESKMM ENCLGESRH 179

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 261

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 261:

QATLLLEPKL TKKNKSTPDL DSGHLLKPSF RVDIPTSRV RILKTTQQKV KKWKIV

56

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 262

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 262:

15

DSAPSPGFESH FFFNTVRVPF LKCWERFSVL LLFFSMFVSS AAFWYLENIS TIADDLFLLT60  
RESSLAATLN DSEVHCRLN GDDSLSTDT EIPG 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 263

20

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 263:

35

VMSPADKAA RADSARAARG KRKKNVEENM AYSALMEVAG YCLIERMLWN PMLKIKSVWL60  
CSYAVMVIPT QLAKV 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 264

40

- (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 264:

AMFSSTFFFL LPRAARAESA RAALSAGSLI TYAFYKRLPK KKLLTRNVDK PLKANKQQTV60  
VFAFSYSWQA EVRA 74

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 265

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 265:

DSKAFSLSS NQPLPSKLSR PCFPPHFFF YLEPLEPNRL EPPCLLDHSS PTHFIKGYPK60  
RNC 63

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 266

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 266:

RRGSGSRSSM APVLASMLWM STRGTAMTST SLCTSRARSR PMPSSSSPTP TAWRCCCATR60  
TRVSTSTRTG ASLRMWCCSG GRCLLLWPTS APTR 94

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 267

- (A) LÄNGE: 254 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 267:

20 GDRKPLYHYG RGMNPADKPA WAREVKERTR MNKQONSPLA KSKPGSTGPE PPSPQASPGP 60  
PGLPWAPKPY HKFMAFKSFA DLPHRPLLVD LTVEEGQRLK VIYGSSAGFH AVDVDSGNSY120  
DIYIPVHIQS QITPHAIIFL PNTDGMEMLL CYEDEGVYVN TYGRIIKDVV LQWGEMPTSV180  
AYICSNQIMG WGEKAIEIRS VETGHLDGVF MHKRAQRLKF LCERNQVFF ASVRSGGSSQ240  
VYFMTLNRNC IMNW 254

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 268

25

- (A) LÄNGE: 231 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 268:

45 GKKHLVIPLT QELEPLSSFV HEDPVEVARL HRADLNGFLT PAHYLVGADV GHRSRHLPPL 60  
QHHILNDAPV RVDVDTLVLV AQQHLHAVGV GEEDDGMGRD LALDVHRDVD VIAVPRVDIH120  
SMEASTGAID DLEPLPLLYC QVDQQRAGE VGKGLEGEF VVGFGGPGEA WGPWGGLGAG180  
GLRPRAAWLA LGQGRVLLLV HPCSLFYLSG PGWVSGIHA PTIMVQGLPV P 231

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 269

- (A) LÄNGE: 454 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 269:

15 GAGCTSPGLW ARKAAARCLP TYPSTRAQPSN VGRRRRRRPG LGALAAGVPA MAESVERLQQ 60  
RVQELERELA QERSLQVPRS GDGGGGRVRI EKMSSEVVDS NPYSRLMALK RMGIVSDYEK120  
IRTFVAIVG VGGVGSVTAE MLTRCGIGKL LLFDYDKVEL ANMNRLFFQP HQAGLSKVQA180  
AEHTLRNINP DVLFEVHNYN ITTVENFOHF MDRISSNGGLE EGKPVLDVLS CVDNFEARMT240  
INTACNELGQ TWMEGVSSEN AVSGHIQLII PGESACFACA PPLVVAANID ETKLKREGVC300  
AASLPTTMGV VAGILVQNVL KFLNFGTVS FYLGYNAMQD FFPTMSMKPN PQCDNRNCRK360  
20 QQEEYKKKVA ALPKQEVQEE EEEIIHEDNE WGIELVSEVS EEELKNFSGP VPDLPPEGITV420  
AYTIPKKQED SVTELTVEDS GESLEDLMK MKNM 454

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 270

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

25

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 270:

40 KLTVPKFNRN FNTFCTKIPA TTPIVVGRLA AQTPSRFRVF SSIFAATTSG GAHAKQADSP 60  
GIISCICPET AFSLTPDSIH VCPSSLQAVF IVIRASKLST QLRTRSTGFP SSNPPLLILS120  
MKC 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 271

45

(A) LÄNGE: 176 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 271:

10 CSSEYVLLLE LYLILLDEVG RKVYSYWLVP PCHNQRVATY QCHILSAFQQ SHYLLHQHLL 60  
LLRQRYGFSH SRLQFPFVSM PSSGCRDSNP PPLSSSSRCG PGRPLRRRSS GPADSSPGQV120  
PAPAPGPAAA GAPQTPPWLG LRPPTLPARA FAAAFAPRCS AGPARGTWGG TSPLPS 176

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 272

15

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

EARQAWTGAK GAGSLTFSSL QSGHLASGSQ SPESTKAPGT PPTPSYPGTP SRQLLWQWVQ 60  
PRPALPASSP CSRHQLYLPR QAMSWLLSPA PSVPLDFSGA SPVWATLCFP HPRLPHR 117

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 273

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

APALPPPAGN VLASQPSTIC SPRLLRGQPS LGHPLFPSSS APTQVTDPAD SFSLGKVGCC60  
LTSPSSPPPI HTHRHPTPG RLVSHM 86

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 274

- (A) LÄNGE: 177 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

EARTLPAGGG RAGAYCRERR LAVLAWAGPT AITVAYLGSL GRMEWVCQG LWCFLVIGTL 60  
MPSAHFAKKK KLMTLLPWLL SMLAWPPRVG GTSPLLAEG EQVLSYDPIH QAGVLSPSGH120  
25 HSSQHQGPVG LGQGSEKGWQ EVPRSSQPGR GTNALNTSKL RDPKVSTPGS GLPPHRH 177

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 275

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
30 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

QFPGPSVPEQ STSVSVTTSC LFPSLHLLQF IYMLLLLVHF CLPYQAVNEG RNLVCFIHHH60  
45 VPSAWHIVGL H 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 276

50

- (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

15

FFFFFFFFF FFFCLINMSI YLAPDGNTKS WQWEWKGSLS QILPYYVDPK AGLGSKAHKP 60  
PKQIFIEHLD YYRPSILLGT MGDVKEVISH MICLQGAUNA SG 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 277

20

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

GVIESRRVLS RGVIRFIFKQ PNPGRCPIL SALKKIPFPY LPASIMSVEE SNCGSFEGDG60  
PFFPV 65

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 278

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

FFFFFFFF FFLFNKYEHL FGTRWQYKIL AVGVVERFSL S NTSILCRPKG RTWQQGSQTT60  
QTNIIY 65

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 279

(A) LÄNGE: 489 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

LADSFPGSSP YEGYNYGSFE NVSGSTDGLV DSAGTGDLS D GYQGRSFEPV GTRPRVDSMS 60  
SVEEDDYDTL TDIDSDKNVI RTKQYLYVAD LARKDKRVL R KKYQIYFWNI ATIAVFYALP120  
30 VVQLVITYQT VNVVTGNQDI CYYNFLCAHP LGNLSAFNNI LSNLGYILLG LLFLLIILQR180  
EINHNRRALLR NDLCALCECGI PKHFGLFYAM GTALMMEGLL SACDHVCPNY TNFQFDTSEF240  
YMIAGLCMLK LYQKRHPDIN ASAYSAYACL AIVIFFSVLG VVFGKGNTAF WIVFSIIHII300  
ATLLLSTQLY YMGRWKLD SG IFRRILHVLY TDCIRQCSGP LYVDRMVLLV MGNVINWSLA360  
AYGLIMRPND FASYLLAIGI CNLLLYFAYF IIMKLRSGER IKLIPLLCIV CTSVVWGFAL420  
35 FFFFQGLSTW QKTPAESREH NRDCILLDFD DDHDIWHFLS SIAMFGSFLV LLTLDDDLDT480  
VQRDKIYVF 489

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 280

40 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

5 APLCHRPVTL SCCGDESQHR CPALDGSRTA RSSLGLAWDS HGVAWNLAAL LCRGAGLLPW 60  
 DPQMLAKLLL SSQCWGLPWA PVLWLSICPF ARGRMEGTPS PFHALHFARP PPHNAPAWDL120  
 RPLFPFILPL QGLVWGLNLC PVSQPQFSLG CPWLPSLPIP VSQDGWGYEI LGVGQLVPDF180  
 WC 182

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 281

10

- (A) LÄNGE: 536 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

ARPGCPAAIQ CWA AVLGLIP TARQSDRSMT QRSSGPLEVK RRAQLLLEDI DLVPLHSIQV 60  
 VIQCQHQEG PEHGDGGEV PDVVVVKEVE EDAVPVVLPR LCRGFLPGAE SLEEEEREAA120  
 PDHGGANDAE QGDELDPLPT PELHDDVEGE VKEQVADANG QQVGSEIIGA HDKPIGSQRP180  
 30 VDDVAHDQQH HAVHVERPAA LPDAVCVEHV EDAAEDPRVQ FPPAHVIELR AEEQGGDDVN240  
 DGEDDPERRV PFAKDHAQHR EEDDNGQAGV GTVGAGVDVR VPLLVELQHA ESGDHVHERC300  
 VKLEIGIVGA HMIASTEQPL HHQGCAGHVE KPKVFGDPTF QGTEVIAQQG PVVVDLPLQD360  
 DEQEKQPQD VPQVAEDVVE GAEIAQWVGA EEVVVADVLI PCDIHHRVLG DHQLHHRKGI420  
 EDSNGGNVPE VDLVLFPPNT LVLPCQVSHI EVLLGANDIL VGIDVGQCVV VILLHRAHGV480  
 35 HSGPSTYRFK GAALVTVREV PSASAVNQTI GRSRNILKGA IVVTLIRGTA RKRISQ 536

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 282

40

- (A) LÄNGE: 551 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

5 PLSSPSCCRY RRCRRRLRPP LRSVVQPGPR TMSLSRSEEM HRLTENVYKT IMEQFNPSLR 60  
 NFIAMGKNYE KALAGVTYAA KGYFDALVKM GELASESQGS KELGDVLFQM AEVHRQIQNQ120  
 10 LEEMLKSFHN ELLTQLEQKV ELDSRYLSAA LKKYQTEQRS KGDALDKCQA ELKKLRKKSQ180  
 GSKNPQKYS D KELQYIDAI S NKQGELENYV SDGYKTALTE ERRRFCFLVE KQCAVAKNSA240  
 AYHSGKCELL AQKLPLWQQA CADPSKIPER AVQLMQQVAS NGATLPSALS ASKSNLVISD300  
 PIPGAKPLPV PP LAPFVGR MSAQESTPIM NGVTGPDGED YSPWADRKAA QPKSLSPQS360  
 QSKLSDSYSN TLPVRKSVTP KNSYATTENK TLPSSSSMAA GLERNGRMRV KAIFSHAAGD420  
 10 NSTLLSFKEG DLITLLVPEA RDGWHYGESE KTKMRGWFPF SYTRVLDS DG SDR LHMSLQQ480  
 GKSSSTGNLL DKDDLAIPPP DYGAASRAFP AQTAGGFKQR PYSVAVPAFS QGLDDYGARS540  
 MSSADVEVAR F 551

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 283

15 (A) LÄNGE: 185 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

AGEAAGQPGS PPSHQLAKCP PLTQGYPR LH GHVTRGVYPQ EAAPQPWAAQ PLGLALQGPA 60  
 PHSARPCLEQ LGSSPGQTQV GQDQAAGAWM FSTQERTDDD RTGYMGRAGE ATRWAALQMW120  
 35 PSAEEGGRP V GHCR LQLDV GK GILTLVRR LRIWPLPHRR CSWTALHSHP GPGRRRRARPH180  
 CRASA 185

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 284

40 (A) LÄNGE: 518 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

5 SGGSESGHFH IGAAGHPRSI VIQALGEGGH GHTVGPLLEA AGRLGEGGPG GGAVIGGWDG 60  
 QVVVLQVEVAR AAALPLLQAH VQPVTATVQ DPGVGEKPA PHLGLLTLV VPAIAGLRHQ120  
 QGNEVTLLA QEGAVVPSSV GEDGLHPHTA IALQAGCHGA RARQSLVLGG GIAVFWGHAL180  
 AHGECVGVGV AELALRLRRR QGFGLGSLAV SPRAVVLAIR ACDVHDGCA LLGRHPPHER240  
 CQLGGHRQGL GPRNGVGNDQ VGLGGRQGAG EGGAVAGHLL HELHRALRDL AGVGTGLLPQ300  
 RQLLRQQLA LGVVGRGVLG HGALLHQEA EAPALLCQCG LVAVGHVILQ LALLVADGVD360  
 10 VLQLLVRVLL RILAALALLP KLLQLSLTLV QGVAFAPLLS LVFLQRSTQI PGVQLHLLQ420  
 LRKQLVVKRL QHFFQLIDL PVDFSHLEEN VSEFFGALAL AGQLPHLHQG VKVAFGCIRH480  
 TCQCLLVILP HGDEVPEARV ELLHDGLIDI FREPVHLL 518

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 285

15 (A) LÄNGE: 217 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

30 VREAARREQR YQEQQGEASP QRTWEQQQEV VSRNRNEQES AVHPREIFKQ KERAMSTTSI 60  
 SSPQPGKLRS PFLQKQLTQP ETHFGREPAA AISRPRADLP AEEPAPSTPP CLVQAEAAV120  
 YEEPPEQETF YEQPPLVQQQ GAGSEHIDHH IQQGGLSGQG LCARALYDYQ AADDTEISFD180  
 35 PENLITGIEV IDEGWWRGYG PDGHFGMFPA NYVELIE 217

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 286

40 (A) LÄNGE: 162 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

AGASGRLWLP SAFICLFSFS LASKGWWPPL FRMTLGNSER RELFLAEFVT KVRVDHGGLA 60  
 AGNLSCWSLL CAPHISLSSL CLGYGKWGCR WPSSHPGYSK TADTTCSSSTR LTRCLQAPVC120  
 ASTDSDFRKS NTEWPWPVVF PYFLSQLIRV SEEQICFWTK KK 162

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 287

- (A) LÄNGE: 173 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

LLACRGWPGR RWHEELNSGK VMYAFCRVKD PNSGLPKFVL INWTGEGVND VRKGACASHV 60  
 STMASFLKGA HVTINARAE DVEPECIMEK VAKASGANYS FHKESGRFQD VGPQAPVGSV120  
 25 YQKTAHVSEI KRVGKDSFWA KAEKEEENRR LEEKRRAEEA QRQWSRSAGS VSA 173

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 288

- (A) LÄNGE: 597 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

45 EKCGQYIQKG YSKLKIYNCE LENVAEFEGFL TDFSDTFKLY RGKSDENEDP SVVGFEKGSF 60  
 RIYPLPDDPS VPAPPRQFRE LPDSVPQECT VRIYIVRGLE LQPQDNNGLC DPYIKITLGK120  
 KVIEDRDHYI PNTLNPVFGF MYELSCYLPQ EKDLKISVYD YDTFTRDEKV GETIIDLENR180  
 FLSRFGSHCG IPEEYCVSGV NTWRDQLRPT QLLQNVARFK GFPQPILSED GSRIRYGGRD240  
 YSLDEFEANK ILHQHLGAPE ERLALHILRT QGLVPEHVET RTLHSTFQPN ISQGLQMWV300  
 50 DVFPKSLGPP GPPFNITPRK AKKYILRVII WNTKDVLDE KSITGEEMSD IYVKGWIPGN360  
 EENKQKTDVH YRSLDGEENF NWRVFVFPDY LPAEQLCIVA KKEHFWSIDQ TEFRIPPRLI420  
 IQIWDNDKFS LDDYLGFELE DLRTIIPAK SPEKCRDMI PDLKAMNPLK AKTASLFEQK480  
 SMKGWWP CYA EKDGARVMAG KVEMTLEILN EKEADERPAG KGRDEPNMNP KLDLPNRPET540

SFLWFTNPCK TMKFIVWRRF KWVIIGLLFL LILLLFVAVL LYSLPNYLSM KIVKPNV 597

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 289

- 5 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

20 DQHSCKFMSP DSKASHNPSF PKMGVESDME DETTAWMNLK PTKSCTSTSG PLKSGLLFTS 60  
 SGLRGWSLST WKQGLCTAPS SPTFPRENFR CGWMFSPRVW GHQALLSTSH PGKPRNTTCV120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 290

- 25 (A) LÄNGE: 289 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:

40 ETQVVIQRKL VIVPYLNDQP GWDSKFRNVN TPEMLFFRND TELFGWKVVK RENKSPVKIP 60  
 FTIQRSVMDI CFLFVFFIAR NPAFDVDVTH FLSCDAFLVQ DNVLGVPDDH TQVVFLGFPG120  
 CDVERRAWWP QTLGENIHPH LKFSLGNVGL EGAVQSPCFH VLRDQPLSPE DVKSKPLFRG180  
 45 PEVLVQDFVG FKFIQAVVSS SISDSTPIFG KDGLWEAFES GDILKQLCWS QLISPGIDSR240  
 NTVLLWYAAV GPKAGKESVF QINNCFSYFF IPGKGVIIID RNFQVEFLR 289

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 291

- 50 (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:

15 GTGDGSKEIN IVWGIQVPIF HNGPWVSTNH PVARFPRTS LASEGIIVPS TSTIRGMGVW 60  
RASCGDCRAD STSSIAQDRG PGLTIGHQAL GSLVWVGESW GQTWGEYLGG PRWLGWLDLR120  
QSWALSISEE VVKKRDFLFH FLNFLCMLVE DMFAHKLRTL EFLATERTQP LILAQFLRVG180  
GDELLHFLW VFAPHLGLF L 201

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 292

(A) LÄNGE: 171 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

35 SVIFFKIGFC EGRLVGRGGV PGSEAQSCVL SSSVWISLAA SLMSLRITICL CWVMPLMLRT 60  
RRVRSLETPG LSSHRRRMF CRFQQISLML TLRKVTQPR RKNLLSGWGS ESATRIKPGY120  
40 LLQREMISAR EMLGAMLRMK REQVLCSGRG LHSSPAASLG FSHSSSLGFS F 171

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 293

(A) LÄNGE: 485 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

10 EKEKPKEE EW EKPKDAAGLE CKPRPLHKTC SLFMRNIAPN ISRAEIISLC KRYPGFMRVA 60  
LSEFPQERRF FRRGWVTFDR SVNKEICWN LQNI RLRECE LSPGVNRDLT RRVNRINGIT120  
QHKQIVRNDI KLAAKLIHTL DDRTQLWASE PGTPLPLPTSL PSQNPILKNI TDYLIEEVS A180  
EEEELLGSSG GAPPEEPPKE GNPAEINVER DEKLIKVL DK LLLYLRI VHS LDYNTCEYP240  
NEDEMPNRCG I IHVRGPMPP NRISHGEVLE WQKT FEEKLT PLLSVRESLS EEEAQKMGRK300  
DPEQEVEKFV TSNTQELGKD KWLCPLSGKK FKGPEFVRKH IFNKHAEKIE EVKKEVAFFN360  
15 NFLTDAKRPA LPEIKPAQPP GPAQILPPGL TPGLPYPHQT PQGLMPYGQP RPPILGYGAG420  
AVRPAVPTGG PPYPHAPYGA GRGN YDAFRG QGGYPGKPRN RMVRGDPRAI VEYRDL DAPD480  
DVDF 485

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 294

20 (A) LÄNGE: 368 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

35 ESSGFQAIGR AEDDARSCWV KTSESTRPYQ LLRRRRPTLI TYRIFRHH RH KDTSSGDHLT 60  
CRLDPQAKDL KDG TQEEATK RQEAPVDPRP EGD PQRTVIS WRGAVIEPEQ GTELPSRRAE120  
VPTKPPLPPA RTQGTPVHLN YRQKGVIDVF LHAWKGYRKF AWGHDELKPV SRSFSEWFGL180  
40 GLTLIDALDT MWILGLRKEF EEARKWVSKK LHFEKDVDVN LFESTIRILG GLLSAYHLSG240  
DSLFLRKAED FGNRLMPAFR TPSKIPYS DV NIGTGVAHPP RWTSDSTVAE VTSIQLEFRE300  
LSRLTGDKKF QEAVEKVTQH IHGLSGKKDG LVPMFINTHS GPVSPTWGVF HGGAPGADSL360  
LLSYL FER 368

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 295

45

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:

10 ALRSPPRMRI VLSNRLTSTS FSKCNFFDTH FLASSNSFLR PKIHMVSSAS ISVRPRPNHS60  
LKDLDTGFSS SWPHANLRYP FHACRKTSIT PFWR 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 296

15 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:

30 LLRHPLPGFL KFFPQTQDPH GVQRVDQCET EAKPLTEGPG HRLQLVMAPC KLAVSFPCM60  
EDVNHALLAI VQMHWCALCP GRWQGRLLGGH FCSS 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 297

35 (A) LÄNGE: 146 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

SGPLLAPAT LTGRMSEVRL PPLRALDDFV LGSARLAAPD PCDPQRWCHR VINNLLYYQT 60

NYLLCFGIGL ALAGYVRPLH TLLSALVVAV ALGVLVWAAE TRALCAAAAA ATLQPAWPQC120  
LPSASWCSGS RAALAPSCSA SPGRCF 146

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 298

5

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

TQRHSHPPFS MLIPKLGPGA RHSQILNPGP KLFQTPPYLP TQVKTLPLE LRTQVFHAPV 60  
WMESGILTVG PLVQVIPTLT SPICLPPALL RHFAPHNPV HHRQPRGEVG TGLSREWGVY120  
VSVAATIKPV ASLMPKKKKK STGRKYSSSS RP 152

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 299

- (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

RTTTTTIFAA GRLLLLFWHE RCNRLYCCSN TNIYAPFAE ACPHLTPWLS MVWNIGVRGK 60  
MPKQSWREAN GTGEGRDHLD QGSNSQDTRL HPHRGMEHLG SEFKIWQCLD LGWKVGWGLE120  
KLWSRVQDLR VPCSRPQFGD EHGEWGMGVS LGSQFEIGHG CSGCLKPQFWG WM 172

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 300

- (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

50

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

WFWRESYWQT IKVDLQVEHP YQFLKAKQ LKGDKNKIQK LVQMAWTFVN DSLCTTSLQ 60  
WEPEIIAVAV MYLAGRLCKF EIQEWTSKPM YRRWWEQFVQ DVPVDVLEDI CHQILDLYSQ120  
GKQQMPHHTP HQLQPPSPE PPTPLPGPCG CWASHLKEGK VVQPEPVEQC PVWPPKPK 178

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 301

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

CISQDVCANL KYKNGPPNPC IGDGSSSLFK MSRSTFWKTS ATKSWIFTHK ENNRCLITPP 60  
ISCNSPHLLS LPPRCLGPVV AGPPTSRRGR LYSPNPWSNA LSGLQONQKT GSL 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 302

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

GGRPSNHRAQ AAGWEAQEMG AVAADGGCDE ASVVFLVSKD PGFGGRCLPK RRPGLHLEQTA60  
PTISYTWVWR SILVFQICTN VLRDTSLLLL 90

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 303

(A) LÄNGE: 158 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

TQVMVQSMFA PTDTSDMEAV WKEAKPEDLM DSKLRCVFEL PAENDKPHDV EINKIISTTA 60  
SKTETPIVSK SLSSSLDDTE VKKVMEECKR LQGEVQRLRE ENKQFKEEDG LRMKRTVQSN120  
SPISALAPTG KEEGLSTRLL ALVVLFFFIVG VIIGKIAL 158

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 304

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

50

VNKALPFISK ALGQSVNTRL SLMTSTSDAA TVQFLWASDS VHQSQGADGL DRTEDTESSL 60  
GREWATWGLL CGADRTPOHA GLQLPKGQHQ QARKGVILRE VIQHHVPRPT NV 112

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 305

- 5 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

20 FKGGTCEMSS YINFFLHMVM INLNPMIWWI HQSNLPSCAC YLYKAIFPII TPTIKNKTTT 60  
 AKSRVLRPSS FPGANAEMG LLLCTVFLIR SPSSSLNCLF SSRSL 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 306

- 25 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

40 RPPQRTLRRHS AQLGAAPAAL PQPLWELPRA HGSQRQPGPG EAADHAEQER EEAAERPGSS 60  
 PEEGQEGSGA FGGHTGHRAC ARCLGRGALG GRIPCGLLCQ LFRRDGCPAD SEVQHIIHQH120  
 WQQLLP 126

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 307

- 50 (A) LÄNGE: 240 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

NVGRCEAQA RAGAASINAS LDGLHNALFA TQRSLEQHQR LFHSLFGNFQ GLMEANVSLD 60  
LGKLQTMLSR KGKKQKQDLE APRKRDKKEA EPLVDIRVTG PVPALGAAL WEAGSPVAFY120  
ASFSEGTAAL QTVKFNTTYI NIGSSYFPEH GYFRAPERGV YLFAVSVEFG PGPQTGQLVF180  
15 GGHRTPVCT TGQSGSTAT VFAMAELOKG ERVWFELTQG SITKRSLSGT AFGGFLMFKT240

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 308

20 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 308:

35 KAGIEGHRGS CLPERRAQGT WHRCPDPYVH QRLRFLLVPL PGSFQVFLLL LPFPAQHGLQ 60  
LPQVQADVGF HEPLEVPKEA VEEPLVLLQA ALSGEECVVE AVKGGVEGGG PGPGLGLAAP120  
PDI 123

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 309

45 (A) LÄNGE: 84 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 309:

PTTTLVIPLF FLSSRRKRKQK DSFQTALCSL HCSFPAQAAS TGKAHVVTYPY FSEVLLFHGV60  
TLLSESKFRK QVLPLADKNH TSFL 84

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 310

- (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 310:

CDRVPLFLSY WCAVADSWLT ASSVSHVKG I LSPQPTCAP PGPANCFNF FFFFFFFLVET 60  
GSPSVAQDGL ELLGSSNPPT LASQSAEITG MSHYAQPEQD DLNLINSTPK QQLSLSQGCQ120  
GGLCEGKD 128

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 311

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 311:

WVAGRRHLLS VQTKSLQVLG LDLCVTPESQ CIRYLYKKLV WFLSAKGKTC FLNLLSDNKV60  
TPWKRRITSEK YGVTTWAFPV LAACFGKLQC RLQRAV 96

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 312

- 5 (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 312:

20 ISTSIAALWL PGGQDAGGGA LWPLCGSRGL CVSDRFPGNF RARLTSWKFK YSIALEF 57

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 313

- 25 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 313:

40 SAHQLOHCGY QGVRMRAVEP SGLCVVAEDS VSATVFRETS GRDSHLGNSN TQ 52

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 314

- 45 (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 314:

10 NSRAIEYLN F QDVSLARKFP GKRSLTQSPR LPHKGQRAPP PAS 43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 315

15 (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 315:

30 GSSGSRFEVV VVLEERRGGR GRGMGRGDGF DSRGKREFDR HSGSDRSGLK HEDKRGGSGS 60  
HNWGTVKDEL TESP KYIQKQ ISYNYSDDLQ SNVTEETPEG EEHHPVADTE NKENEVEEVK120  
EEGPKEMTLD EWKAIQNKDR AKVEFNIRKP NEGADGQWKK GFVLHKSSE EAHAEDEVMD180  
HHFRKPANDI TSQLEINFGD LGRPGRGGRG GRGGRGRGGR PNRGSRTDKS SASAPDVDDP240  
EAFPALA 247

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 316

40 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 316:

FMKNKSLPL PISTFIWFS D IKFYFCVLI LNSLPLIQSH LFWTLLFYLF NFILLIFSVC60  
 HWMFFTFRC FLSHI 75

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 317

- 5 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 317:

20 SFGILKHAKA LNRRVHKGTR VVLWHPVKPE LGMPLGHPHQ EQKHLTCRSC CHGLGAHHAH60  
 VHLVLPCHRV LGGQGLQN 78

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 318

- 25 (A) LÄNGE: 235 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 318:

40 LHLGAQRALA PGLFRLQGML RALLGRQLFR ARGPPVVREP LPRTRLAVR HVWPPCDRPL 60  
 RVGPGSPLPP GPLMHMLLPA PAHQGVLPGA RRQALLPALL PEALRLTARS ARPLPRRPRP120  
 PGKAGSSRPR GLALRAGGPT HWRAPPLRY Y ESSGVKFRNG PARPKPTRPQ SGLHTDKNSR180  
 45 AGLHSIPTLE GAPLLGEGPC NSSESEARPG RPCSLHPCSH VHHFYLHKHT HSTSK 235

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 319

- 50 (A) LÄNGE: 478 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 319:

```

GSRPPPCSPR ATGPRPAMED LDALLSDLET TTSHMPRSGA PKERPAEPLT PPPSYGHQPQ 60
TGSGESSGAS GDKDHLSTV CKPRSPKPAA PAAPPFSSSS GVLGTGLCEL DRLLQELNAT120
15 QFNITDEIMS QFPSSKVASG EQKEDQSEDK KRPSLPSSPS PGLPKASATS ATLELDRLMA180
SLSDFRVQNH LPASGPTQPP VVSSTNEGSP SPPEPTGKGS LDTMLGLLQS DLSRRGVPTQ240
AKGLCGSCNK PIAGQVV TAL GRAWHPEHFV CGGCSTALGG SSFFEKDGAP FCPECYFERF300
SPRCGFCNQPI IRHKMVTALG THWHPEHFCC VSCGEFPGDE GFHEREGRPY CRDRLQLFA360
20 PRCQGCQGP I LDNYISALSA LWHPD CFVCR ECFAPFSGGS FFEHEGRPLC ENHFHARRGS420
LCATCGLPVT GRCVSALGRR FHPDHFTCTF CLRPLTKGSF QERAGKPYCQ PCFLKLFG 478

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 320

(A) LÄNGE: 285 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 320:

```

EQGLGVWRTR LFREGAASGG EGEPSGLSAE ELQEAGLAVG LAGALLEGPL GERAQAEGAC 60
40 EVVRVEAATQ GRHAAAGHRE ATRGAQRAAS CVEVVLAQRA ALVLEKAASR EGREAFPADE120
TVRVPERAER RDVVIQDGAL AALAARGEQL QEVPAAVGAA LALVETLISE GLPATDAAEM180
LWVPVSAQGG HHLVSDGLVA EATSWREALK VALGAEGGSI LLEEAASQ GGTASANEVL240
GVPGAAQSRH HLP SNRFIAG ATEAFGLGGN TPAAEVGLQQ PQHGV 285

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 321

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 321:

10 GLHLQPLLWR QSTEEEVREE GQALTEPKSC GAQGGAQHRG LTPCPTGNGL GLAQP KIPAL60  
SNSWRVDSVL ACLVSSDIFH TVEQNHQPCT DVTLCRKRP 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 322

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 322:

30 ETQSSQRLTC PRSLGLDLSL RLRLQNPHSI CYISQGWGQG SCEQKEKYQL LKGLGFVGRA60  
RQGQRGIQNK GASTSAWDGP IHSRGCGVS PVLNRHLAS 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 323

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 323:

50 SNPKAPVSMW VKGPTMGTYT QEDESSLASE SDCLPQTPPQ NRLLSHLPLH SDKTQAHIPG60  
PGVFACICID GNAGPAKAFF YIK 83

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 324

- 5 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 324:

20 VFPTVLRGVL VPSSVTSKPG LIVPIGDEGG MRRSHLQLLS VERTSGTEKN RGPFGSLEGR 60  
GTRVGELIAE RRDVQRPSAP LSWDVNRIFP STPSLPPVLP LFFFPSIKRC I 111

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 325

- 25 (A) LÄNGE: 272 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 325:

40 SSRASGITRA ARPCPAKNEG PSKAFVNCDE NSRLVSLTLN LVTRADEGWY WCGVKQGHFY 60  
GETAAVYVAV EERKAAGSRD VSLAKADAAP DEKVLDSGFR EIENKAIQDP RLFAEEKAVA120  
DTRDQADGSR ASVDSGSSEE QGGSSRALVS TLVPLGLVLA VGAVAVGVAR ARHRKNVDRV180  
SIRSYRTDIS MSDFENSREF GANDNMGASS ITQETSLGGK EEFVATTEST TETKEPKKAK240  
45 RSSKEEAEMA YKDFLLQSST VAAEAQDGPQ EA 272

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 326

- 50 (A) LÄNGE: 241 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 326:

TLVFGRLRTK PFRIPGFLQR KRRWQIQEIK PMGAHLWIP AALRNKVEAP ERWSPPWCPW 60  
AWCWQWEPWL WGWPEPGTGR TSTEFQSEAT GQTLACQTSR TPGNLEPMTT WEPLRSLRRH120  
PSEKKSLLP PLRAPQRPN PRRQKGHPRR KPRWPTKTSC SSPAPWPPRP RTAPRKPRRC180  
15 RRLLPAPMTI TFRIMSILGP SAPGDPTPCS NTCLGFSYCP QRRAGPLLSG IKAWPNCSYW240  
G 241

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 327

20

(A) LÄNGE: 121 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 327:

AVVRVTWYKG EGITLPPVLT PALVRGESIP IRLFLAGYEL TPTMRDINKK FSVRYLNLV 60  
LIDEEERRYF KQEVVLRK GDIVRKSMH QAAIASQRFE GTTSLGEVRT PSQSDNNCR120  
Q 121

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 328

40

(A) LÄNGE: 140 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 328:

5 GETRVHSQQG GGIKAPSWDW FFREPGPLVK GLLGHVKQYL EQPRPWGYQV ERREGRRRLPC 60  
 THLPWWAGFS LLGSTLPSPV HDTDFRASPC PRPSYRLLFQ DITDNPERME KGGAWVPAVS120  
 GQKEVACGNL RSPHPRFPKR 140

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 329

10 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 329:

25 VFPCHLVGAG PTPATTSGTA KGSTRCDYPG PCWQLRIPGT CSDFVSGSSE SQEPRMRALC 60  
 SPSSKTQGGP PRKGAHVQR GWLPGCYLFY PTSAAESQGE TASHPKPLGF SREKNLSQKH120  
 DLFSGCK 127

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 330

30 (A) LÄNGE: 418 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 330:

45 GSTSTKNTKI SQACGVIVEL IKSCKMAGGA VLLAGPPGTG KTALALAIQ ELGSKVPFCP 60  
 MVGSEVSTE IKKTEVLNEN FRRAGLRIK ETKEVYEGEV TELTPCETEN PMGGYGKTIS120  
 HVIIGLKTAK GTKQLKLDPS IFESLQKERV EAGDVIYIEA NSGAVKRQGR CDTYATEFDL180  
 50 EAEYVPLPK GDVHKKKEII QDVTLDLDV ANARPOGGQD ILSMMGQLMK PKKTEITDKL240  
 RGEINKVVNK YIDQGAELV PGVLFVDEVH MLDIECFTYL HRALESSIAP IVIFASNRGN300  
 CVIRGTEDIT SPHGIPDLL DRVMIIRTML YTPQEMKQII KIRAQTEGIN ISEEALNHLG360

EIGTKTTLRY SVQLLPANL LAKINGKDSI EKEHVEEISE LFYDAKSSAK ILGLTRQG 418

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 331

- 5 (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 331:

20 VPQCGLGANL PQVVQCLLTD VDSFRLGTDF NDLFHFLWSI QHGPDYHHSV QKVKRDAVRG 60  
CDVLSASDDT VASVGCKDDD GSDRRLLQGAV QVGEALNVQH VDLINKQHTR DQLSNALVDV120  
LVHHLINLPS KFCVDFCLLW LH 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 332

- 25 (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 332:

LAHHGQDILS PLGPRISHIQ VMQGHILDDF FLFVHIPFWQ GDILFSFKVE FCGIGITPAL 60  
PLHGPTVGFN VNHISFYSL FLQTFKNAGV QFQLFGSFGC FESYDHMANG FAISSHGILC120  
LTRS 124

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 333

- (A) LÄNGE: 176 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 333:

QAMGKKQKNK SEDSTKDDID LDALAAEIEG AGAAKEQEPQ KSKGKKKKKK KKQDFDEDDI 60  
LKELEELSLE AQGIKADRET VAVKPTENNE EEFTSKDKKK KGQKGKKQSF DDNDSEELED120  
KDSKSKKTAK PKVEMYSGSL TNFLKKLKGG LKNQIRSGMG QRRMRITVKK LKSVQE 176

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 334

(A) LÄNGE: 193 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 334:

RFKIKKDCKT ESGNVLWEFN KLPKKAKGKA QKSNKKWDGS EEDEDNSKKI KERSRINSSG 60  
ESGDESEDFL QSRKGQKKNQ KNKPGPNIES GNEDDDASFK IKTVAQKKAE KKERERKKRD120  
EEKAKLRKLK EKEELETGKK DQSKQKESQR KFEEETVSKS VTVDTGVI PA SEEKAETPTA180  
AEDDNEGDKK NER 193

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 335

40

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 335:

5 ETVAFARPF PSLFSFPPLS SFLFLLIFRS FCLLHCHLLQ LWESLLSLQR QELLQYQQSL 60  
WILQFLLQIS FEIPFVYSDP FYLFLTLLFL SASAVSLFLH LAFFSRAPSF LPSFGPLS 118

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 336

10 (A) LÄNGE: 230 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 336:

25 LQRLLPFGAE RPAHLCTGPG GEDGAGGRVP GTRPQRPPAL QRAEDGRQGG LRVAGTAGPP 60  
PGVPLRPGQG GSGHQEQGAS HPGSLDQGLT GAKRPQGCPA CGRRPPCVGG VPGSAHRPQP120  
EGAALRRGRS RLQQAGPCCC RVLWLRCHP AGLPRRPPAA DPGARAAAGG RHLVCRSPLH180  
PGLRPPLPQW GLLRPEGGCL CVPVSRGILR TALREGAGGE VSGGRGYLGL 230

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 337

30 (A) LÄNGE: 416 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 337:

QDGSGPFLAD FNGFSHLELR GLHTFARDLG EKMALEVFL ARGPSGLLLY NGQKTDGKGD 60  
FVSLALRDRR LEFRYDLGKG AAVIRSREPV TLGAWTRVSL ERNGRKGALR VGDGPRVLGE120  
SPVPHTVLNL KEPLYVGGAP DFSKLARAAA VSSGFDGAIQ LVSLGGRQLL TPEHVLQVD180  
50 VTSFAGHPCT RASGHPCLNG ASCVPREAAV VCLCPGGFSG PHCEKGLVEK SAGDVDTLAF240  
DGRTFVEYLN AVTESEKALQ SNHFELSLRT EATQGLVLWS GKATERADYV ALAIVDGHQ300  
LSYNLGSQPV VLRSTVPVNT NRWLRVVAHR EQREGSLQVG NEAPVTGSSP LGATQLDTDG360

ALWLGGGLPEL PVGPALPKAY GTGFVGCRLD VVVGRRHPLHL LEDAVTKPEL RPCPTP 416

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 338

- 5 (A) LÄNGE: 241 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 338:

20 NQHMKNNTAMA RPRYPGRRQR STPSHSELLS IAPRRANGVA EGYGHVQGGW AGPAEGQDTQ 60  
IGPGLASAPQ QPGLAQAARE QRRAPSSNI VWKSQYWRRR PRQGEHTQE GAAQIGAWKG120  
PVGSPGGRAP SDLSSPFLSG TRVPPD GARV IQEPGLLP GG DTVGQAQCKA GAQHLEAGVC180  
VLRLPSTPSP PRCHLACPSL STRSVCSTAA WTEGRPGQQS LRPTLRQENH IKKRQVYKNR240  
K 241

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 339

- 30 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 339:

LLQPQGE MPP GNPPMSTRGQ EATVLRTPEN LAGELFLVHP SLQLYLCPAD NVKDW SKVVL60  
AYEPVWAIGT GKTATPQQG 79

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 340

- 50 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 340:

FPVGVQLQSCQ YQWPTQAHRP GRPCSSPSRY LQGRDTAGGK GEQERALQPG SPEYEERWPP60  
AP 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 341

15

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 341:

SLLGCCSLAS TNGPHRLIGQ DDLAPVLHVI CRAEIQLEGR VNKKESSQV LRSTKNGGLL60  
PPSGHWGISR WHLPLGLEKS 80

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 345

(A) LÄNGE: 257 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 345:

KNLSQLEPRE NAKKEVRKER GMGWVAAGAA QLLSLLSTST ASDSSVISSS ACTSGLLP RR 60  
 RSPASPRSAH LHHLGGLLEHF HLALADLLDV EGEGLVDR GLGARVHHV GREGFAQLVP120  
 RRLQFLAPLG GHQARAQLVH ALLQGVPRLL QVFLGLEARL LQVLGTHLG LLHLLLEGL180  
 5 LEVVHAPQAL RLIRSARDSS ITSSTSTASS DESSSAAASS SGRSPSPSS PSFSGSASDS240  
 FSDLLMLSLA GSFTSSW 257

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 346

- (A) LÄNGE: 237 Aminosäuren  
 10 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
 20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 346:

25 KSRRCQRRR ARSWARASGP RRTQRRWSFR RTRRWRLRRL LRSPAQSVSS AGPAARGRLQ 60  
 EGLLQGEDGE DQAYPREPG EDAPDQGKP GEDAAHPGEA HEQAGHAPGA RRAARETEDV120  
 AGQVAQILHA RPRGVRLQD RGLQGATLHL PRQEDPRGPG GSAQGHDRGG GGRSGGRPAT180  
 CGAGAAPTCT RCWRSPRSRT PCWWTRATAT ERPPLPTTF LAPSELPLSH SLSARAG 237

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 347

- 30 (A) LÄNGE: 263 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 347:

45 GRLPGYPDRR GPGASSAGAQ AAEEPSGAGS EELIKSDQVN GVLVLSLLDK IIGAVDQIQL 60  
 TQAQLEERQA EMGAVQSIQ GELSKLGKAH ATTSNTVSKL LEKVRKSVN VKTVRGSLE120  
 QAGQIKKLEV NEAELLRRRN FKVMYQDEV KLPKLSISK SLKESEALPE KEGEELGE180  
 50 RPEEDAAALE LSSDEAVEVE EVIEESRAER IKRRACGAWT TSRRSPRRR WRRPRCVPAR240  
 TWRRRASRPR KTWRRRGTPW RSA 263

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 348

- (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 348:

SSGSSRFSS GSRRRYASLY FCCAIEDQDN ELITLEIIHR YVELLDKYFG SVCELDIIFN 60  
FEKAYFILDE FLLGGEVQET SKKNVLKAIE QADLLQEEAE TPRSGS 106

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 349

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 349:

LFLMPQNKVR MVICQEFFIT VSYKKRVALF TVLCVKSLFK ARMFPLGYLL KNLFCFPPL60  
RSAAHFTAAS FLSMALPS 78

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 350

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 350:

TCLHGLYFHL YMLGWIKLCC DCDQHSGHVS TVLSHRQLVV INVQRTKKKK GAASLGGITG60  
SGVKKR 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 351

10 (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 351:

LPGLPLRQLG GVCHGHRPGL LLHQQHGGGA GAVQQPQREE EALHDPGQGS APAELCQFQQ 60  
HVPRFPLQQP QAVQEGGGAG AGQGLVLWQP GAGLQGVQPG DDGAPDLQHG DAAGDSHHDD120  
PAQELPAAEH RAQGPGGPRP ALRGGARSNC RVCLVQMCPE APEGSHQLMP ASDPQQGWFA180  
30 AAAQGEPVSD PGHHHH 196

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 352

35 (A) LÄNGE: 361 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 352:

50 SLASLSDSLG VSVMATDQDS YSTSSTEEEL EQFSSPSVKK KPSMILGKAR HRLSFASFSS 60  
MFHAFLSNNR KLYKKVELA QDKGSYFGSL VQDYKVYSLE MMARQTSSTE MLQEIRTMMT120  
QLKSYLLQST ELKALVDPAL HSEEELEAIV ESALYKCVLK PLKEAINSCL HQIHSKDGSL180  
QQLKENQLVI LATTTTDLGV TTSVPEVPMM EKILQKFTSM HKAYSPEKKI SILLKTCKLI240

YDSMALGNPG KPYGADDFLP VLMYVLARSN LTEM LNVEY MMELMDPALQ LGE GSY YLT T300  
 TYGALEHIKS YDKITVTRQL SVEVQDSIHR WERRRTL NKA RASRSSVQPL HLRVVP GARA360  
 A 361

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 353

5

- (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 353:

VDGFLQGLQD T FVQGRLYNC FELL LGVQGG VHQGLELGAL QQVALELGHH GANLLQHLRA 60  
 GGLARHHLQA VHLVVLHQAA KVRALVLRQL HLLVQLAVV GEESVEHAAE TGKAQVPVPSL120  
 AQDHGGLLLH AGAAELLQLL LRAAGGVGV L VGGHDRHPQA V 161

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 354

- (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 354:

SGRGPKYVID VEQPFSC TSL DAVVNYFVSH TKKALVPFLL DEDYEKVLGY VEADKENGEN 60  
 VWVAPSAPGP GPAPCTGGPK PLSPASSQDK LPPLPPLPNQ EENYVTPIGD GPAVDYENQD120  
 VASSWPVIL KPKKLPKPPA KLPKPPVGPK PEPKVFNGL GREAASSVSA QPLSPQAGL180  
 GRHGRQSYRR SWEKRRGTGS MVSDTPGTSG LVPGRARW 218

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 355

- (A) LÄNGE: 253 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

50

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 355:

15 AGEQVDGLTQ ETPLKPVSQL PGPAGAPTGR RGQAEDPGSV MASALRPPRV PKPKGVLPSH 60  
YYESFLEKKG PCDRDYKKFW AGLOGLTIYF YNSNRDFQHV EKLNLGAF EK LTDEIPWGSS120  
RDPGTHFSLI LRNQEIKFKV ETLECREMWK GFILTVVELR VPTDLTLLPG HLYMMSEVLA180  
KEEARRALET PSCFLKVSRL EAQLLLERYP ECGNLLLRPS GDGADGVGHH AADAQRDARG240  
PALQGEAGGA PST 253

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 356

20

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 356:

LTTASREVQE NGCSTSITYL GPLPLHLVMP DHVRPVVHLP RGDRHRRRRP RWAAAAGSRT 60  
RGSAPGAVVP PAGSPSGSTR VSPVHGAPPL WPRLQTSCIG AQEAGSSRSG HGAPPPLR 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 357

40

(A) LÄNGE: 223 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 357:

DHTCGCAGNL QEAIMLRSGV TSQGIHPGSP WCCTPTQAEI IVGDQSGAIH IWDLKT DHNE 60  
QLIPEPEVSI TSAHIDPDAS YMAAVNSTGN CYVWNLTGGI GDEVTQLIPK TKIPAHTRYA120  
LQCRFSPDST LLATCSADQT CKIWRTSNFS LMTLSIKSG NPGESSRGWM WGCAFSGDSQ180  
YIVTASSDNL ARLWCVETGE IKREYGGHOK AVVCLAFNDS VLG 223

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 358

- (A) LÄNGE: 193 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 358:

FFFFFFFFFP EQHLRVGLLL LPPRLSPRPG PAWPVNPVPG WPGHLHQQGQ LLAGTNKPFH 60  
LAMVVVFSMD RGPETRAGRG REHTSLGVGT SLRPLSSFPG SADFPQCRL AQSRVQPG120  
GRALSHLDKQ LGAESPRAAW PSRSRRHRGP SGPVAQAGRG GSALTWVLHG SLQLPPPAPG180  
SPEGSQASPA HCH 193

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 359

- (A) LÄNGE: 251 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 359:

PGCCMGPS SC HHLHQAVPRG HRLAQHTVIE GQADNSLLVA AILSLDLSSL HTPEPGQVVR 60

GSSDDVLGVP REGAAPHPA GGLPGVAALD AQLRHQGEVG RPPDIARLIS RAGGEERGVG120  
AEATLQGVAR VGRDLSLGDE LGHLVTNAPR QIPDIAVSGA IDSCHVAGVG IDVGGRDGD180  
GLRDQLLVVV CFQVPDVSF ALVTHDELCL GWGAAPGTPR VNALGGHTGP QHDCFLQVTS240  
TSACMILTSS C 251

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 360

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 360:

GNIPHSNLTD ASSPKRIKIV ACTDQENILG RMKYVCLFFF KNKGFWNSGE

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 361

25

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 361:

KGNQLYQGET RALGTMTRT AFILHSDCF QSSNDCQATS QMTDNFCCSF LYKMLRQQA 59

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 362

45

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 362:

10

DKILLSPRME CSGMIMAHCS LDLPGSHLSL PSSWDHRHVP PCPANFYFGR DKVSPCCLGR60  
FQTPGLK 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 363

15 (A) LÄNGE: 84 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 363:

30

MRRCIHPSHS LSGSRQTQSP LSHSASNGST TKVAQQMRRA AAVVGESTEE TRLGRALGAA60  
GFTNKQLSEN TAQGEKRVN CLQN 84

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 364

35 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 364:

50

CAYRTEKWKS HTVPCSPEVK LVLTALRAF SSMEPLGLGR KARVSAHRHT SYLQDIDCLC 60

RGSTGQPTAN TAASLVASL LPVHPGDYSW INLPKNSAFI MSLFCSKTQN GSLPPRGRPS120  
 HHCIPNR 127

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 365

- 5 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 365:

20 PYVHSPA WGLVGR LVS HTDIPATFRT LIVSAEVALG SQLQTQQPPW FQLLSFQYIL 60  
 ETTPLIFLR TQHSLCHFSV RKPKMAPCHL EADQVITVSP TASTVCIWYI VQAP 114

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 366

- 25 (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 366:

40 NLHSNIKVFF YNVPKISGPQ QAVFVPVFFN 30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 367

- 45 (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
 50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 367:

10 KECMSEAQFL ATTLTKGNNC RGILQLIHTQ HLLHTVFTDS NLVG

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 368

(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 368:

30 NVDFRCKNML EIRFSAIKPN TKKIKKNVCQ KPNS

34

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 369

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 369:

50 QPSSLLHHCP YPYPPRHLLA TPLLKPQLLA GSPAHLIS FLASPQRASR QHGGPSQRAG 60  
TLSCPLVELG GSSGGRGLCH GSADPTNRAA EPQERGEPA GDRRPLPEWG RVSLAESPGA120  
EFRCPGSLGE WGEIPEKESS AHPKTEE 147

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 370

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

5 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 370:

20 NHSCWQGPQL MPASSPFLLA PKGPPGNMGG PVREPALSV LWSWGAALG AVACAMALLT 60  
QQTELQSLRR EVSRLQGTGG PSQNGEGYPW QSLPEQSSDA LEAWESGERS RKRRAVLTQK120  
QKNDSDVTEV MWQPALRRGR GLQAQGYGVR IQDAGVYLLY SQVLFQDVTF TMGQVVSREG180  
QGRQETLFR C IRSMP SHPDR AYN SCYSAGV FHLHQGDILS VII PRARAKL NLSPHGTFLG240  
FVKL 244

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 371

25 (A) LÄNGE: 185 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 371:

40

TPASWIRTPY PWACRLPRL RAGCHITSVT SESFFCFWVS TALLFRDLSP LSQASRASEL 60  
CSGRLCQGY SPFWEGPPVP CSRLTSLRL CSSVCWVSRA MAQATAPRAA PQLNQRATES120  
AGSLTGPPML PGGPLGASKK GDEAGMSWGP CQQLWFQEWG SKEVAGVRV RAVVQKGRRL180  
LRKEK 185

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 372

(A) LÄNGE: 148 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 372:

VLYHCASRYR RRARQTCAPS YTRSADLPSR TPPVEDLLEL SRAFWVGADG GGRVRVLGGT 60  
EAHEDGIPPE SMDHYADGHR PQHCHLGYRC HGRPQREGLP RCLKVPPVNL SSVSVFPFVT120  
HRAGMEFNGC SGQTLVHGQT SLLWILQD 148

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 373

(A) LÄNGE: 135 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 373:

CLPVRRLRQF EPKTPKVEAE FQSMGSRLSQ PFESYITAPP GTAAAPAKPA PPATPGAPTS 60  
PAEHRLLKTC WSCRVLGLG LMGAGGYVW VARKPMKMGY PPSPWTITQM VIGLSIATWG120  
IVVMADPKGK AYRVV 135

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 374

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 374:

IPCLLCVSRG KGQRQKTDLS VVLSNNAVGL PFGVCHDNDT PGGNAEADDH LRNGPWTRGV 60  
SHLHGLPCHP VHVPARPHQP QPRKHATAFA GLQQAVFCWG GRRSGCSWGR RFGGRGGGTG120  
5 RRSDIGLKRL GQPRPHALEL GLNLGRLWFK LA 152

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 375

- 10 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 375:

25 GAELQLRSCA MAVSQEGLDG EVKAPDARIF IPCANTAFTP DLQVLQQVLS SFTVSSPLFH 60  
SGFICYTPNL FSQSTPQSLP CWGQHRKRQN LRKEKGNLQP AMDLMIP 107

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 376

- 30 (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 376:

45 IPKNFYHNIH RSLYQLYLEV KQAWESIDCS ACPRVEALNK ATKTPEITDL TFQWPTGPGS 60  
GOVGHQANHL FPCASLCKSW SVPLARPSLV QDLGPQTKES RGLGFDPDRM VSL 113

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 377

- 50 (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 377:

15 FGGPQAQPHS AVGSSLSSQI QVNLSFKNKG EPQTCSTTRD NNTPWQEDHV LDCLRTATVR 60  
QEACCDPLCS MPIAQASSIP YHLPPMLFFG TTTLAKREYG KQRPRALLQY RHFEVGRQHM120  
LHSK 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 378

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

20 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 378:

35 HKIILISRYR RNSVVTQAI LYTPMILQRK HPSLLLPLW QLKICSSSTL KRRKRNNLSL60  
IPKLPH 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 379

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

40 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 379:

5 PEKSPGAGPL LGGSPFFFFF YVSKSTEFIL KHSIKFESHE TKASLHYMLI LAKSKDQHTI60  
DIHDNVV 67

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 380

- 10 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 380:

25 FCIHFECCLHV KTQLIYYFNI KPISFEAKLI LLFYKSNQDS FFRMLKAQCL RFMLAALLAL60  
LLPEMKTQNR R 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 381

- 30 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 381:

45 MDGAQGRLLP VSSRHSNLAL LKPTSRDLTA PPEGASLMTV GGITAPRDVQ VWNPRTWESV 60  
TLRGKRDPAF VLQFRISWWG DDRGWLRLWAL SNHGGPYKGR GVTRVCA 107

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 382

- 50 (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 382:

15 EVENHTNLLS YSSRGQESKM VFTRLKSCQC GFVSPRRLWG RIQCLFQLLQ GPPHRLAPGL 60  
LAIFTARSFL ASCADPRDSP SLIRAPMITQ GPPQPSTVIS PPRNPCLKHR RRVPFATQGN120  
TFPRPGVPNL DISGGCYSTH RHQ 143

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 383

20 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 383:

35 SHTHAQLSNH GGVQEPPLPL GVPKPWGS DS GALSRPGCKL KTPGGFQNAQ CLGHNLDQLN60  
LNLQRDITAP QETPRGSQSA KPEETI 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 384

40 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 384:

5 LEPIRFQQKV MEKETEKRIE EIEDAAFLAR EKAKQDAEYY AAHKYATSNK HKLTPEYLEL 60  
KKYQAIASNS KIYFGSNIPN MFVDSSCALK YSDIRTGRES SLPSKEALEP SGENVIQNKEL 120  
STG 123

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 385

10 (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 385:

25 DNSCVRYVEA QQKSHGTTSR NLSAVRPVSL MTVCWLCQTL YLGKESPDNL GSFPWALSYR 60  
GICNMEKIIF HFCSFNSINS LYK 83

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 386

30 (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 386:

45 CLTFQCRQYL SIRLSSFMS SLENTYRIL DKTVAEKTIC VSDSWLYPPI SGAPRTIAGE 60  
VEQMKCKFSV NLKSPYNDCS HLPWATS 88

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 387

50 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 387:

15 TCEPFRNPQV GKDPTPSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60  
RDLLLLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 388

- (A) LÄNGE: 173 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 388:

35 AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKKKK 60  
KKKKKAFLSH RHKTQIIYCY EALFTNGQFL HFIAACERLP DGRPISLVLQ TSSQAAFYQK120  
GENSCLSFLLK NAFYLSIRH YTSELYKRPG GTMSLVDTFH CSVAPFLAWE ASA 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 389

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 389:

5 TCEPFRNPQV GKDPTPSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60  
RDLLLLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 390

10 (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 390:

25 RCPRRGREMD SGCWLFGEF EDSVFEEERPE RRS GPPASYC AKLCEPQWY EETESSDDVE 60  
VLTLKKFKGD LAYRRQEYQK ALQEYSSISE KLSSTNFAMK RDVQEGQARC LAHLGRHMEA120  
LEIAANLENK ATNTDHLTTV LYLQLAICSS LQNEKTIFC LQKLISLHPF NPWNWGKLA180  
AYLNLGPALS AALASSQKQH SFTSSDKTIK SFFPHSGKDC LLCFPETLPE SSLIFCGRDT240  
30 RNGRKIGKFC KCANLVGERG TG 262

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 391

35 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 391:

50 KPVPLSPTRL AHLQNFPIFL PFLVSLPQKI KELSGKVSGK HKRQSFPECG KKDLIVLSLE60  
VKLCCF 66

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 392

- 5 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 392:

QAGGRVPWLN GLCWLLYFPS LQSPAPPYA YPGEPDTEPD LPGHPFSWQN WLMTIFQRYW60  
NTPAVLSDTL VVCRPGLL 78

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 393

- 25 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 393:

TSLEGIDLQP SHLTIYTAAL KEKTPDFRRL SPRVSETADS RKVARGPRFV MRDNPGRGGD60  
HRGLQAPGWM KEGRGWGV 79

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 394

- 45 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 394:

VTTPPPSQIS SFLPPSTAPF TKPPIPDPSS STPAPGDPYD HPRARGCPAL QIGAHGRPYG60  
SPRSPRREER DV 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 395

10

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 395:

PPPPPPKFHP SFRLLOPPLQ NPPSPTLLHP PRRLETPMIT PAPGVVPHYK SGPTGDLTG60  
RGLRDARRET SEVWRLFLQG CCVDCEVGGL KINSLEGG 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 396

30

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 396:

NWRQTVWQRV REGACAEQSS RPASGCRFLR CAIGASAFSG DRGSAVATNT QPHTNHHTK60  
WGQPHPVQAF TNVISVLFYF 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 397

50

- (A) LÄNGE: 309 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 397:

YDNSSTCKKG KVFPKGISVT VSETFDPEEK HSMAYQDLHS EITSLFKDVF GTSVYGQTVI 60  
LTVSTSLSPR SEMRADDKVF NVTIVTILAE TTSDNEKTVT EKINKAIRSS SSNFLNYDLT120  
LRCDYYGCNQ TADDCNLGLA CDCKSDLQRP NPQSPFCVAS SLKCPDACNA QHKQCLIKKS180  
20 GGAPECACVP GYQEDANGNC QKCAFGYSL DCKDKFQLIL TIVGTIAGIV ILSMIIALIV240  
TARSNNKTKH IEEENLIDED FQNLKLRSTG FTNLGAEGSV FPKVRITASR DSQMNPYSR300  
HSSMPRPDY 309

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 398

25

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 398:

40

QALIASTTFN VIDSYLASEL DSLQTFETSI QRGWQMSDGR KTPEARSLLV LTSPSVFLNT 60  
LNNSLYIGWG PWRVPHSYDS NSQGGACCCV LNRDFASGCL WRPLS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 399

45

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 399:

10 CFSCFVICSV SLCTLNIYPL CDKKKKKKKK SRTSTFDFSQ PQPRKNGSWD KQLVFSKQ60  
IGHINATAFR SFDFD 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 400

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 400:

30 RKKAVCFMND LICFLDNTFK NNVLSQAWWC VHLVPTIWEA EAGGSLEPRS LKLQCPVVAP60  
VNNCTPAWAT 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 401

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 401:

50

LVPQGSLLQT HPFVFFSFLE MRSRYVAQAG VQLFTGATTG HCSFKLLGSS DPPASASQIV60

GTRCTHHHA

69

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 402

- 5 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 402:

20

PPLWVATVRN GCCHVFWTLP ANRSLPGFGN TSITSLLLFC RDKTFEVARP RTSKDSCYSA60  
TVYTAHLSYS HVLSSLVRLF 80

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 403

- 25 (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 403:

40

LTNMSDHLFG WLLLEMAVVM FSGLCQPTDP CQVLEILLP RCYFSAGIKL LRWPDPEHPR60  
IPVTVLQYTL LIYPILMCFL L 81

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 404

- 45 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 404:

VSHYPHSVSK PPKHQTKQMV VALTHSRLTS EFKWENTPYT TVIIPLWTLN ITYFLKIILL60  
 KKKAHENRIN EQCIL 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 405

15

(A) LÄNGE: 328 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 405:

RYLNMGNLLK VLTCTDLEQG PNFFLDFENA QPTESEKEIY NQVNVVLKDA EGILEDLQSY 60  
 RGAGHEIREA IQHPADEKLQ EKAWGAVVPL VGKLKKFYEF SQRLEAALRG LLGALTSTPY120  
 SPTQHLEREQ ALAKQFAEIL HFTLRFDELK MTNPAIQNDF SYRRTLSRM RINNVPAEGE180  
 35 NEVNNELANR MSLFYAEATP MLKTLSDATT KFSSENKNLP IENTTDCLST MASVCRMLE240  
 TPYRSRFTN EETVSFCLRV MGVVILYDH VHPVGAFKAT SKIDMKGCIK VLKDQPPNSV300  
 EGLLNALRYT TKHLNDETTT KQIKSMLQ 328

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 406

40

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 406:

5 YYIHLIINFL LRLCRLGIFK IKEKIWPLLK VCACQNFKKI PHVKVPSASA GDSVLVLLSS 60  
ARASRRSQSR SCALLDRRG SSAALGGAPG PERGSGGSRT GSPSTPAPVA EPPQA 115

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 407

- 10 (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 407:

25 QEPALALDAG WENMGYLLRL PEDLLMLLLT SEKIRKISLI CLLVEQLHPM PSLATSHLLD 60  
AGLPLVFRGQ LLCMTASPPR CLLHLLILHS PDYKFPSQTL 100

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 408

- 30 (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 408:

45 TVLHSHLPSS CLPCLSTHSV KEPRGATSPR LCFPTACGMG VSSATAGLRC FHQPCRHLVL 60  
HEEQTLRGWS GMGRSPLGGQ ALVPSRFPSL APGVHTAQSA PGGWKPPCFR SLGSPP 116

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 409

- 50 (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 409:

15 SPDERCSIRT SPPRACPASP RTVLRSQEEP LRPDFVSPPP AAWVCFVPPL ASAASISLVA 60  
TWSFMKSRHL EAGREWGRP WEGRRWFQAG SRPWRLECTQ PSRHLVAGSH PALDHSGPHL120  
RRVPALDQSR GH 132

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 410

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 410:

40 WKQRRPAVAL DTPMPQAVGK QSLGEVAPLG SLTLCVERQG RHEEGRCEWS TVHPGISQPE 60  
SPPSLAAPEH SLWPTATEMS ACQDTWRRKK TRHOKKLPPQ EQIELLDQGH TRSGRHPAPC120  
AQGKETQFNV WLLCSRETAT LP 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 411

- (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren
- 45 (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 411:

10 KRRGVRQFRW LVCTRRASPG AARSAPIAPA TSGRRPNMD SAGQDINLNS PNKGLLSDSM 60  
TDVPVDTGVA ARTPAVEGLT EAEELRAE LTKVEEIVT LRQVLAAKER HCGELKRRLG120  
LSTLGELKQN LSRSWHDVQV SSAYVKTSEK LGWNEKVTQ SDLYKKTQET LSQAGQKTS180  
ALSTVGS AIS RKLGD MRNSA TFKSFEDRVG TIKSKVVGDR ENGSDNLPSS AGSGDKPLSD240  
PAPF 244

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 412

(A) LÄNGE: 149 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 412:

35 LGHFLIPLSK FLRSFHIGAR DLHVMPAPGQ VLFQLPQGGE AQPPLELSTV PLLGCQDLAQ 60  
SDNFLFHLGK LSPDLLLSL CQTLNSRSPG SHTCVDRNIR HGVRQOTFVR RIQVDILAGG120  
VHVRAASGPC RGRYGSRAGG AGRSSPRTH 149

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 413

(A) LÄNGE: 143 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 413:

ALETCTSCQL LDRFCFSSPR VERPSLLLSS PQCLSLAART WRRVTISSST LVSSALSSSS 60  
 SASVRPSTAG VRAATPVSTG TSMESDSRP LLGEFRLISW PAESMFGRRP DPVAGAMGAE120  
 5 RAAPGEARRV HTSQRNCLTP RRF 143

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 414

10 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 414:

25 RRGALWAA KELRRTKKLS DYVGKNEKTK IIAKIQQRGQ GAPAREPIIS SEEQQLMLY 60  
 YHRRQEELKR LEENDDDAYL NSPWADNTAL KRHFHGVKDI KWRPR 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 415

30 (A) LÄNGE: 386 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 415:

45 AAELRDCGSR RISRSPSSNS HLSPRISLSG NLGPQTSRLG GPPSPSATWS VFWQLPRQQS 60  
 LPGRGSANLL PSVRSESAVL SDCVGGFPGR SSVRAWIAGP RCTPASPTRV LSLSWRLFNS120  
 ASLLLLATST SGSECRFPRS PRARERGIPD CERLLVRRSC WRSGDPRPAG PAGHAAGAFS180  
 TPQYLGGTAM VLLHVKGDE SQFLQAPGS TELEELTVQV ARVYNGRLKV QRLCSEMEEL240  
 50 AEHGIFLPPN MQGLTDDQIE ELKLDKDEWE KCVPSGGAVF KKDDIGRRNG QAPNEKMKQV300  
 LKKTIEEAKA IISKQVEAG VCVTMEMVKD ALDQLRGAVM IVYPMGLPPY DPIRMEFENK360  
 EDLSGTQAGL NVIKEAEHC GGQPRS 386

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 416

- 5 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 416:

20 GVEKAPAAWP AGPAGRGSPD RQQLRRTNSR SQSGIPRSLA RGERGKRHSL PEVDVAKSNS 60  
 EAELKSRQLK LRTRVGEAGV HRGPAIQART ELRPGKPPTQ SERTADSERT DGRRFADPLP120  
 GSDCCRGNCQ NTDQVAEGEG GPPNRLVWGP RFPLREIRGL RWELLDGERE IRREPQSRSS180  
 AA 182

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 417

- 25 (A) LÄNGE: 467 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 417:

45 HTLSRWTKHS IPRWNDARTD DTWHSELDNR KIGQARNTLM DMRLSQVSDS VSGQTVVDPK 60  
 GYLTDLNSMI PTHGGDINDI KKARLLLKSV RETNPHHPPA WIASARLEEV TGKLQVARNL120  
 IMKGTEMCPC SEDVWLEAAR LQPGDTAKAV VAQAVRHLPQ SVRIYIRAAE LETDIRAKKR180  
 VLRKALEHVP NSVRLWKAHV ELEEPEDARI MLSSRAVECCP TSVELWLALA RLETYENARK240  
 VLNKARENIP TDRHIWITAA KLEEANGNTQ MVEKIIDRAI TSLRANGVEI NREQWIQDAE300  
 ECDRAGSVAT CQAVMRAVIG IGIEEEDRKH TWMEDADSCV AHNALECARA IYAYALQVFP360  
 SKKSVWLRAA YFEKNHGTRE SLEALLQRAV AHCPKAEVLW LMGAKSKWLA GDVPAARSIL420  
 ALAFQANPNS EEIWLAAVKL ESENDEYERA RRLAKARTV PPPPGCS 467  
 50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 418

(A) LÄNGE: 352 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 418:

TPGRWGHCPRLGQQPPGPLVLIILGLQLHGCQPDLLTVGVGLEGGQDAPCCRHIPCQPL60  
GLGAHEPQHL CFGAVGHSPLQECFQGLPSAMVLLVVRGAQPHTLLAGEHLQGVGVDSCT120  
20 LQGIVGYTTVSILHPGMLPIFLNPNPNHGTHTDGLAGGHTPSPVTFLGILDPLLTVDLHT180  
VGPQRGDGSVDDLLHHLRVPIGFLQLSSRDPDMSVCRNVLPRLVQDLAGIFIGLQPCQSK240  
PELHAGGAALHSSAQHDSSI FRFFQLNGCF PQANRVWNMLEGFPKNPLLC TNVRFQLCGS300  
DVNPDRWLWEMTDSLGYHGLGCVPRLQPGCF QPDIFTLGAHLRPLHDKVPSYL352

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 419

(A) LÄNGE: 424 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 419:

PPGAPFFLFFFFLTRDIKTFNEGGSSEPFHMRPNPAPRRPAMATAQSEGVLDAAGHQPK60  
DVPDLLLLPVG DVLGHGAPQLPMPRLCTLTA LPHLLLLLLSAMLQLKLVEEGPGIPQVRVN120  
45 LHS AVEPLPG LGDLPLTPKQLGHGQEHMGVMTLLQGIHALGPPLGPCLEEDGLRPQDTG180  
VGALLQRLGH ECICDVLQPRTVLQPHGLQPQPRVLWVLQTRLFQNGPCSSKLPNLLLQPR240  
EQKPQCGGVGTLLQPLVIGFPRLHHLLLLLDLPLHHPQLGEVLIVPQGLLAQILGCPDV300  
VLHPLQLHRLHEHPGGGGTVRALASSLRARSYSSFSDSSTAASQISSLLGLAWKARARM360  
LLAAGTSPASHLDLAPMSHSTALGQWATALCRSASRDSRVPWFFSKYAA RSHTLFLLGN420  
50 TCRA424

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 420

- 5 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH:

- 15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 420:

GRTLPRGGGT VWVQGHGLEG WWAALSGSGF PAVGFLFWLL RLVIYFLSLLP VTPGAPEYRL 60  
FSPWAVSLSC FLTLLPGLLC VHLRLAWSKQ VRPLLLYSLV LFWHLVKLA 109

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 421

- 25 (A) LÄNGE: 177 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 421:

40 VSVFSSSAAG TLFQGLCGAP DAPHPLSKIP GGRGGGRDPS LSALIYKDEK LTVTQDLVPN 60  
DGKPHIVHFQ YEVEVKVSS WDAVLSSQSL FVEIPDGLLA DGSKEGLLAL LEFAEEKMKV120  
NYVFICFRKG REDRAPLLKT FSFLGFEIVR PGHPCVPSRP DVMFMVYPLD QNLSDDED 177

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 422

- 45 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 422:

10 ASRPYILELR EKDFPCRPLAH RGSSTVGEH QEHRGPGTM CLQHSWSGHL LNGKILLSWV 60  
FIILGGSAGQ GRRRRGEWVG GRVGGCGVAR AGRSLWAKSL SGRGRVPSSC LSER 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 426

15 (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 426:

30 PFCSSLAKLQ GIWGMWDLQF PAPASALSQV LTPAPASAPA PGRAPAPAAA 50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 427

35 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 427:

50 EDKMRPGLSF LLALLFFLGQ AAGDLGDVGP PIPSPGFSSF PGVDSSSSFS SSSRSGSSSS 60

RSLGSGGSVS QLFSNFTGSV DDRGTCQCSV SLPDNNFPVD RVERWNSQLI VISQ

114

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 428

5

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 428:

EITMSCEFQR STLSTGKLLS GRETEHWQVP RSSTEPVKLE NNWDTEPPLP KLRLELEPDL 60  
ELELKLELES TPGKELKPGL GIGGPTSPKS PAAWPRKNRR ARRNERPGLI LSS 113

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 429

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 429:

AAAGAGARPG AGAEAGAGVN TWERAEGAG NWRSHIPQIP CSLAKEEQKG

50

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 430

- (A) LÄNGE: 224 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 430:

15 QTQKVVTSP RITLHWLLPC AAHPPDLHKK GQENSGCAPA TAHSAPPGRS PPELRAGLQR 60  
 LARAVLPVSR FSAPQPPAAS FSGPRVAPSE ESGPGTSSNS GRLALPRLRS LCPLGVARPR120  
 CCRALARCCC SSSPRTAAWA RRAGSSSLAS PTSPTS AELQ AHPGQPAAVP RHRIPEHAAA180  
 QPAGPRDHEG GAGAGRRLLD AGHEAVPPGH QEVVPLALRP RLPR 224

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 431

20

(A) LÄNGE: 408 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 431:

35 PALLGLPFIG SSLAPPTLQI CIKKAKKTLA VPQORLILLP RVGAPRSCAR ACSASPALSS 60  
 RCPASPRPSR RLPAFRGPES HPAKRAGPGQ ARTPAASFPF GSAPSAPSGS RAHDAAGPWL120  
 AAAALPRLAL LPGLGARALP LWPARLLLQA QNCKPIPANL QLCHGIEYQN MRLPNLLGHE180  
 TMKEVLEQAG AWIPLVMKQC HPDTKKFLCS LFAPVCLDDL DETIQPCHSL CVQVKDRCAP240  
 VMSAFGFPWP DMLECDRFPQ DNDLCIPLAS SDHLLPATEE APKVCEACKN KNDDNDIME300  
 40 TLCKNDFALK IKVKEITYIN RDTKIILETK SKTIYKLNGV SERDLKKSVL WLKDSLQCTC360  
 EEMNDINAPY LVMGQKQGE LVITSVKRWQ KGQREFKRIS RSIRKLQC 408

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 432

45

(A) LÄNGE: 323 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 432:

VISFTFIFSA KSFLQSVSIM SLSSSFLFLQ ASHTFGASSV AGRRWSLLAR GMQRSLSWGK 60  
RSHSSMSGQG KPKADMTGAQ RSFTCTQSEW HGWMVSSRSS RQTGAKSEHR NFLVSGWHCF120  
10 MTSGIQAPAC SSTSFMVSWP SRLGSRMFY SMPWHSCRLA GMGLQFCACR RSRAGQRGRA180  
RAPSPGSSAR RGRAAAASQG PAASWARDPE GAEGAEPGKG EAAGVRACPG PALFAGCDG240  
PRKAGSRRLG RGEAGHREDS AGEALQARAQ LRGA PTRGSR MSRCWG TARV FLAFFMQIWR300  
VGGAREEPMK GNPRRAGHYF LGL 323

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 433

(A) LÄNGE: 333 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 433:

RGRTWELFLA GRRVLVTGAG KGIGRGTVQA LHATGARVVA VSRTQADLDS LVRECPGIEP 60  
VCVDLGDWEA TERALGSVGP VDLRGDCADM ELFLAGRRVL VTGAGKGIGR GTVQALHATG120  
35 ARVVAVSRTQ ADLDSLVRER PGIEPVCVDL GDWEATERAL GSVGPVDLLV NNAAVALLQP180  
FLEVTKAEFD RSFEVNLRAV IQVSQIVARG LIARGVPGAI VNVSSQCSQR AVTNHVSVC240  
TKGALDMLTK VMALELGPHK IRVNAVNPV VMTSMGQATW SDPHKAKTML NRIPLGKFAE300  
VEHVVNAILF LLSDRSGMTT GSTLPVEGGF WAC 333

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 434

(A) LÄNGE: 210 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
45 (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 434:

5

APGHNLRHLD DRTQVHLKGS VKGLLGDLQE GLQQGDSGVV HQQVHGAHAA QRPLGGPLPVT 60  
QVHAHGFYPR ALADKAVKIR LSPAHSHPER ARRQRLDRA APYTFACPGD QHPAAREEQ120  
HVGAVSAQVH GAHAAQRPLG GLPVTQVHAH GFYPRALADK AVKIRLSPAH SHHPRARRVQ180  
RLDRAAPYTF ACPGDQHPAA REEQLPCSPT 210

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 435

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 435:

FFFFFFFFFL GSRIFFIGGI GGRMSTAWGL RCVEGAQQAQ KPPSTGKVEP VVMPRLRSLR 60  
KRMAFTTCST SANLPSGIRF SIVLALWGSL QVAWPMDVIT TVGFTAFTRI LWGPSSRAIT120  
LVMSRAPLV EQ 132

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 436

35

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 436:

50

KAKSWVPSDF RFQELPENTR SQRVIFWSLF CRDSWEYGHP APRCGNESSR SGEAALADVQ60  
LAAPVSNQLH PDGVEDRGVG GLLPELHHA E PYLV 94

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 437

- 5 (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 437:

20 FSGVCFAGIA GSMATLLHDA VMNPAEVVKQ RLQMYNSQHR SAISCIRTVW RTEGLGAFYR60  
SYTTPSPISC 70

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 438

- 25 (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 438:

40 KAPNPSVLHT VRMQLIADRC CELYICKRCF TTSAGFITAS WSRVAILPAI PAKQTPENYP60  
LRSGVLRKFL EPKIRRNPGI SFLRSKMYIQ SAQVSTDS 98

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 439

- 45 (A) LÄNGE: 270 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 439:

RSVVRRLKLM AAEEPQQQKQ EPLGSDSEGV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSR 60  
LELSVLYKEY AEDDNIYQQK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSL EALLDDSKEL120  
QRFKAVSAKS KEDLVSGGFT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL180  
15 VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIHII ALAQALSVSI240  
QVEYMDRGE G TTNPHIFPE GFRAQGLTLF 270

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 440

20 (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 440:

35 RWRRLNLSSR SRSRWAATPK VLTVPMMKP SWLSRTEFSK RLLCRTLWCQ SGWSSRSYTR 60  
SMLKMTTSIN RRSRTSTKST RTSARPLTA TVSIGLSDSP TWRHCWMTAR SCSSGRLCLP120  
RARKTWCPRP SLNSQLRIST TRSWT 145

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 441

45 (A) LÄNGE: 210 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 441:

IAPSRLKQ GK TLGSEALRED VRIGGAALAA VHVHLHDGHA EGLGQRNDVD VVALLAHGLH 60  
LLLAELLDSP STLDEVLEEL ALALQVARGE QPQVDHKVVG GALVIEGGQQ VGDRGLLLHL120  
LNQVHERVVE ILNCEFSEAL GHQVFLALGR HSLEPLQLLA VIQQCLQVGE SESPIETVAV180  
10 RPGLADVRVL FVEVLDLLLI DVVIFSILLV 210

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 442

(A) LÄNGE: 322 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
15 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 442:

30 NSERGRLOAM MTHLHVKSTE PKAAPQPLNL VSSVTLSKSA SEASPQSLPH TPTTPTAPLT 60  
PVTQGPSVIT TSMHTVGPI RRRYSDKYNV PISSADIAQN QEFYKNAEVR PPFTYASLIR120  
QAILLESPEKQ LTLNEIYNWF TRMFAYFRN AATWKNAVRH NLSLHKCFVR VENVKGAVWT180  
VDEVEFQKRR PQKISGNPSL IKNMQSSHAY CTPLNAALQA SMAENSIPLY TTASMGNP TL240  
GNLASAIREE LNGAMEHTNS NESDSSPGRS PMQAVHPVHV KEEPLDPEEA EGPLSLVTTA300  
35 NHSPDFDHDR DYEDEPVNED ME 322

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 443

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
40 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 443:

FGTRAPASHD DPPACEVYRT QSCPSAPESG IKCHPLQVRI GGFSTELTSY SNDPNRPPDS 60  
 RHPRPLCHHN HQHAHGGTHP QAVLRQIQRA HFVSRICAEP RIL 103

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 444

- (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 444:

SLSWKSGLW LAVVTKDRGP SASSGSRGSS LTCTGCTACI GDLPGLLSLS LLLVCSIAPF 60  
 SSSRIALAKL PRVGFPMEAV VYRGILFSAI EACKAALRGV Q 101

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 445

- (A) LÄNGE: 539 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 445:

LDVQVKDDSR ALTIGALTLP LARLLTAPEL ILDQWFQLSS SGPNSRLYMK LVMRILYLD 60  
 SEICFPTVPG CPGAWDVDSE NPQRGSSVDA PPRPCHTPD SQFGTEHVLR IHVLEAQDLI120  
 AKDRFLGGLV KGKSDPYVKL KLAGRSFRSH VVREDLNPRW NEVFEVIVTS VPGQEELEEV180  
 FDKDLKDDF LGRCKVRLTT VLNSGFLDEW LTLEDVPSGR LHLRLERLTP RPTAAEELEV240  
 LQVNSLIQTQ KSAELAAALL SIYMERAE DL PLRKGTKHLS PYATLTVGDS SHKTKTISQT300  
 SAPVWDESAS FLIRKPHTES LELQVRGEGT GVLGSLSLPL SELLVADQLC LDRWFTLSSG360  
 QGQVLLRAQL GILVSQHSV EAHSHSYSHS SSSLSEEP EL SGGPPHITSS APELRQRLTH420  
 VDSPLEAPAG PLGQVKLTW YYSEERKLVS IVHGCRSLRQ NGRDPPDPYV SLLLLPDKNR480  
 GTKRRTSQKK RTLSPEFNER FEWELPLDEA QRRKLDVSVK SNSSFMSRER DCWGRCSWT 539

45

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 446

- 5 (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 446:

20 LLCLPAFVSL HHRLNVMSLK LGSKGRACAL QPFHLTGPYS GLCLTKEKNR MFPLLHGLYP60  
SGPLGRGPFL AVSCFACTLF SLPPNSSGPS VSVPGQWQH 99

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 447

- 25 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 447:

40 VWIKLFTCST SSNSAAVGRG VRRSRRKCRR PDGTSSRVSH SSRKPLEKTV VRTLHLPRK 60  
SSLSKSLSKT STSSSWPGTD VTITSKTSFQ RGLRSSRTTW LRKLRFANFS LT 112

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 451

- 45 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 451:

FFFFFVETGF RHVDETGLEL LASSDLPPQL LKVLGLYRHE PLSLALKRFS QRPSVR 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 452

15 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 452:

IRFGISCPGP GISLQEPLPL CWRHSFRIRR RREKRKCKGG RSFPGRITISV THMDPR 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 453

35 (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 453:

VTEMVRPGKD LPPLHFLFSL LLLILKLCLQ QRGRGSCREI PGPGQEMPNI IYLTEGL 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 454

- 5 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 454:

20 ILAFWRRAAPL WHHQTLLCFP STWNSSNIRG CEGLAILLSW VHVSDRNGAA WERSPSFTFS60  
LLPPPPYSKT VPPTEGQGLL 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 455

- 25 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 455:

ARLPLLAED RGQPGSVKDP KMAGRKLALK TIDWVAFIEI IPQNQKAIAS SLKSWNETLT 60  
SRLAALPENP PAIDWAYYKA NVAKAGLVDD FEKKFNALKV PVPEDKYTAQ VDAEEKEDVK120  
SCAEWVSLSK ARIVEYEKEM EKMKNLIPFD QMTIEDLNEA FPETKLDKKK YPYWPHQPIE180  
45 NL 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 456

- 50 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 456:

15 AQSIAGGFSG KAALEVRVS FQDFRELAMA FWFWMISAK ATQSMVFRAS FRPAILGSFT60  
DPGCPRSSAA SNGSRA 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 457

(A) LÄNGE: 104 Aminosäuren

20 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 457:

35 CPECVIQGPE LPPGLNFINS QLVGEANRDT FSCLIWFLGK LHSSPQWSSD QMELSSSSSP 60  
SLSHILQSWP LRETPTQHKI SHLLFLRHPP GQYIYPLARE PSAH 104

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 458

(A) LÄNGE: 223 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 458:

5 RGAGGHQGES GRPEGWPPPF LHPGRGFQVP WLESVLIVVS NNIDEEALAR LAQEGSEVNV 60  
 IGIGTSVVTC PQQPSLGGVY KLVAVGGQPR MKLTEDPEKQ TLPGSKAAFR LLGSDGSPLM120  
 DMLQLAEEPV PQAGQELRVW PPGAQEPCTV RPAQVEPLLRLCLQQGQLCE PLPSLAESRA180  
 LAQLSLSRLS PEHRRLRSPA QYQVVLSERL QALVNSLCAG QSP 223

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 459

- (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

20

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 459:

VIRVVSSQPR SESQGDPAH RLFRACSLD DSTTWYCAGL RSRLCSGLSR LRDSWAKALD 60  
 SARDGSGSHS CPCWRQSRSS GSTWAGLTVQ GSWAPGGHTL SSCPACGTGS SANCSMSMSG120  
 30 DPSEPRSRKA ALLPGNVCFS GSSVSFIRGW PPTATSL 157

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 460

- (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

40

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 460:

50 PPLFPHLFL WGKVSDDCCF QSAPLRVSGG LPRTQTVHQG LQPLGQHHLV LCRAPQPPVL60  
 RAESAQQQLG QGSRLCQWE RLTQLSLLEA EPQ 93

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 461

- 5 (A) LÄNGE: 328 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 461:

20 FSLILCKHSI GDRKNYASAK LSELLPEEVE AEVKAAAEIS MGTEVSEEDI CNILHLCTQV 60  
IEISEYRTQL YEYLQNRMM IAPNVTVMVG ELVGARLIAH AGSLLNLAKH AASTVQILGA120  
EKALFRALKS RRDTPKYGLI YHASLVGQTS PKHKGKISRM LAAKTVLAIR YDAFGEDSSS180  
AMGVENRAKL EARLRTLEDR GIRKISGTGK ALAKTEKYEH KSEVKTYDPS GDSTLPTCSK240  
KRKIEQVDKE DEITEKKAKK AKIKVKVEEE EEEKVAEEEEE TSVKKKKKRG KKKHIKEEPL300  
25 SEEEPCTSTA IASPEKKKKK KKKRENE 328

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 462

- 30 (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 462:

45 YNRNSFLLIL VLSLFFLL FLWTSNCCAG TWEFLRKWFF LNVFLFTPFL LLLHRCFFFF 60  
CHFFFLFFN FNFNLGFFGF LFSNFILFIY LFYFAFFRTG WKCGVTRRIV SLHFTFVFIF120  
FCFC 124

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 463

- 50 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 463:

15 SSFSLFFFFFF FFFSGLAIAV LVHGSSSESG SSLMCFFLPL FFFFTDVSS SSATFSSSSS 60  
STLTLLAFL AFFSVISSSL STCSILRFLE QVGSVESPEG S 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 464

- (A) LÄNGE: 427 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 464:

GGSSRRHGGG YAAVALLVLL LLGPGGWCLA EPPRDSLREE LVITPLPSGD VAATFQFRTR 60  
WDESLQREGV SHYRLFPKAL GQLISKYSLR ELHLSFTQGF WRTRYWGPPF LQAPSGAELW120  
VWFQDTVTDV DKSWKELSNV LSGIFCASLN FIDSTNTVTP TASFKPLGLA NDTDHYFLRY180  
40 AVLPREVVCT ENLTPWKKLL PCSSKAGLSV LLKADRLFHT SYHSQAVHIR PVCNARCTS240  
ISWELRQTLS VVFDAFITGQ GKDWLSLFRM FSRTLTEPCP LASESRVYVD ITTYNQDNET300  
LEVHPPPTTT YQDVILGTRK TYAIYDLLDT AMINNSRNLN IQLKWKRPE NEAPPVPFLH360  
AORYVSGYGL QKGELSTLLY NTHPYRAFPV LLLDTVPWYL RLLHPLFACP GPAATPPPGD420  
ADSAAGQ 427

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 465

- (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 465:

SPSILYGSCT CHSHKAFGGP DTGGHPSCR P HQVQSCGSGS KTLSLMWINL GRSSVMSSQG 60  
SSAPLSTSS PPTQSLPLFP SNPWWPMTL TTTFCAMLCC RGRWSAPKTS PPRSSCPVV120  
PRQASLCC 128

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 466

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 466:

PQAWRRLCRC CSARPVAPGA RRLVPCRTPT RQPAGGTCHH PAAFRGRSRH IPVPHALGFG 60  
35 ASAGRSVPLQ ALSQSPGAAD LQVFSTGAAP VIHTRLLEDP ILGATLPAGP IRCRAVGLVP120  
RHCH 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 467

40 (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 467:

5 FLHKTHNRAV EEAKEPFLCL CSRTERGPLA SVSLLVLPGL YQALRRGMET PHSGAWLGEG 60  
 EAAGVLWASR GYNLSSLGNV CPFVGSSPTR RGTQLYTGTI CVWSVL 106

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 468

10 (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 468:

25 ISTKQTHRL SQCKVESPDV SDYCLQMDTR SPESSDYTL KPKEPLPPPL PQARPQSGAF 60  
 PYPASRPGTV REEPAGSRWP EGLSQSYRG IKRAPLLPPQ PCCESCAGIN LRNSPEAETG120  
 LMPWERSECE PMAPSLLGTN LPKYVKAEGD RDLAEGRKSF SSRN 164

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 469

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 469:

EIRGRPPLFM PPLSCVDEFL QNRPHDTCPS VKLSPTTCRT TAYKWITHVPQ RAQIIPSRSP 60  
 KNPCRLPFFK PGPRVGRFHT PPQGLVQSGK NQQAHAQORA SLSPTTEA 108

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 470

- 5 (A) LÄNGE: 317 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 470:

20 NMVDYYEVLG VQRHASPEDI KKAYRKLALK WHPDKNPENK EEAERKFKQV AEAYEVLSDA 60  
KKRDIYDKYG KEGLNGGGGG GSHFDSPFEE GFTRNPDDV FREFFGGRDP FSDFDFEDPF120  
EDFFGNRRGP RGSRSRGTGS FFSAFSGFPS FGSGFSSFD TGFSTFGSLGH GGLTSFSSTS180  
FGSGMGNFK SISTSTKMVN GRKITTKRIV ENGQERVEVE EDGQLKSLTI NGVADDDALA240  
EERMRRGQNA LPAQPAGLRP PKPPRPASLL RHAPHCLSEE EGEQDRPGAP GPWDPLGVR300  
RIERRWQEEE AEAERGV 317

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 471

- (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 471:

45 SMPLVQLPSS FKLLSLLLLL PLATFFQSCC GRRGGPRARV PQVGPARPPP QRDSEARVSA 60  
ARQAGAASAG GGRQAGLAGR SGLSACAPQR GHRRRPHHLL LRTLTHLLQ LLLFLDRSRQ120  
FSL 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 472

- 50 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 472:

15

KIRSNQCLWS NFLPPSNSSL CFCFFLLPPS FNPAADAEGV PGPGCPRSVL LALLLRETVR 60  
RVSQQRGRPG RLRRAEAGRL GWQGVLASPH ALLSEGIVVG HTIYC 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 473

20

(A) LÄNGE: 159 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 473:

35

IVSERSLRSL WTAHWALPEM DSRIPYDDYP VVFLPAYENP PAWIPPHERV HHPDYNNELT 60  
QFLPRTITLK KPPGAQLGFN IRGGKASQLG IFISKVIPDS DAHRAGLQEG DQVLAVNDVD120  
FQDIEHSKAV EILKTAREIS MRVRFFPYNY HRQKERTVH 159

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 474

40

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 474:

5 PPTGRPPPF FFFFFFFFIV FYFLGERLGG GRGENSVSLE SQKCMNLLVV QGWDKMAREV60  
 RWKIPKILFA TDFYN 75

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 475

10 (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 475:

25 LGGLSSSDVK SQLSSRRLQ CDGSGQKLQ LIVVVRVVYP LMRRNPCWRI LIGRQENHRV60  
 VIIRNPAVHL GQGPVGSPQR PQTPLTNSV WEPEADA 97

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 476

30 (A) LÄNGE: 274 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 476:

45 GHLWRPAGGR LPRHHDQVCR AAEPHRGGGL CGHQRRLP HR PRVQEGWGLC PHESLHQVPA 60  
 DRFPWHEPGAG CAADCEDPHR RPGACEPGAP PAARAAGLGR GTRHGNGDIL SFEDANRAMQ120  
 TGVGTGIMIAR GALLKPWLFT EIKEQRHWDI SSERLDILR DFTNYGLEHW GSQTQGVKT180  
 50 RRFLLEWLSF LCRYDPVGLL ERLPQRINER PPYYLGRDYL ETLMASQKAA DWIRISEMLL240  
 GVPPTSPSC RSTRPTRTSS LRLSQGHFGA RRVQ 274

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 477

5 (A) LÄNGE: 256 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 477:

20 AGPAPVQPGP HTRCRCPRGH GSRGRSQAGK LWCPAGPRRP GTSTPPSSPV RTCGPLTDED 60  
VVRLRPCEKK RLDIRGKLYL APLTTCGNLP FRRICKRFGA DVTGEMAVC TNLLQGQMSE120  
WALLKRHQCE DIFGVQLEGA FPDMTKCAE LLSRTVEVDF VDINVGCPID LVYKKGCGCA180  
LMNRSTKFQQ IVRGMNQVLD VPLTVKIRTG VQERVNLHR LLPELRDWGV ALVTEMGTS240  
25 HLRMPTAPCR LVSPGS 256

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 478

30 (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 478:

45 NLLYSRPRPV PLGKPEATCT RWPCASARRR GGGHWPKEHL ADADPVGCLL AGHQRLQVVA 60  
AQVVGRLVD PLWEPLQPH GIVPAQEGQP LEQKAPGLLH ALRVRAVLQ AVVGEVPQDV120  
QALGRDVPV PLLLDLREEP RLEQGATGNH DPGDTS LHGA VGILK 165

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 479

50 (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 479:

15 GSPMSPARAM QTLFVPEHGD HGAGVCSDDH HRGGHVPAEP LQAVCTVLHQ PAQPGAEERR 60  
CPVLRMPVA SETQCQATES QSRSLTPRLG PPTAWPCALR PAERFPPLPA QCLLHVQLQT120  
LFVPEHGDHG AGVCSDDHHR GGHVPAEPLQ AVCTVLHQPA QPGAEERRCP VLRRMPVALG180  
EHSVRQRNPR AAGLRPASAH RPPGRAALRP AGALPPLPAH LSVPAARDRP AAHHLAVRRG240  
20 GAPTLPGLD LQSGGPRGGV GN 262

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 480

(A) LÄNGE: 270 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 480:

40 AAQCLLHVQC KRSLFQSMEI TELEFVQIII IVVVTCLLSH YKLSARSFIS RHSQRRRED 60  
ALSSEGCLWP RRHSVRQRNP RAAVLRPASA HRPPGRAPFA QRSVFHRCQP NVSCTCNCKR120  
SLFQSMEITE LEFVQIIIV VVTCLLSHYK LSARSFISRH SQGRRREDAL SSEGCLWPSE180  
STVSGNGIPE PQVYAPPRPT DRLAVPPFAQ RERFHRFQPT YPYLQHEIDL PPTISLSDGE240  
45 EPPPYQGPWT FKVRDPEEEL EIERGLGAET 270

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 481

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 481:

ATTSC LHGPS SAGTARGGGE KMPCPQKDAC GPRRAQCQAT ESQSRSTPR LGPPTAWPCR 60  
PSPSGSASTA SSPPIRTCST RSTCRPPSRC QTGRSPHPTR APGPSRFGTP RRSWKLNWDW120  
VRRP 124

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 482

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 482:

RVLVSPLSL S MWRWKVEKDT VSILKLLRFS ERGRHLNRQV GFSVLSALGI WREMGLLSLC60  
TQEGHALKT V FVDQRRLYST GGIQMSLRGR EETWQADYI 99

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 483

(A) LÄNGE: 104 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 483:

5 VLEEEKKHGK QITSEPFELC FSFFPCLFSK IYLNLETQDI FLGNLLPMSE VASAASRQIP 60  
GNPEPQNVIP PGSAWPDVPL SAGFTYQSHS SFSINTPKSS PNHH 104

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 484

10 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 484:

25 KLDSTQCRPS LHTNMYVLLS ECHLLCTQCH DSKIKISVSN QNINQARNSW AQRGVRGLSY 60  
TAVKQPTCSA HSQAESDWSC RQRGGGRVLC CPLLCMVSWV FQGGQLLSPN KTVNSLRTGP120  
LPH 123

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 485

(A) LÄNGE: 303 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 485:

50 LGRKPSWVGG AGLEPSQSG LSHHPAPQSD SAPTSPPIPG EPGPQREVVDK WGGSLGRPES 60  
SGHPGRTPAT CCHCAVMAR SGSATPPARA PGAPPRSPPO RLVQDVSGPL RELRPRRLCHL120  
RKGPQGYGFN LHSDKSRPGQ YIRSVDPGSP AARSGLRAQD RLIEVNGQNV EGLRHAEEVVA180  
SIKAREDEAR LLVVDPEDE HFKRLRVPTPT EEHVEGPLPS PVTNGTSPAQ LNGGSACSSR240  
SDLPKSDKDT EDGSAWKQDP FQESGLHLSP TAAEAKEKAR AMRVNKRAPQ MDWNRKREIF300  
SNF 303

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 486

5 (A) LÄNGE: 149 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 486:

20 APRRRPRRR LEPCESTSAR HRWTGTGSVK SSATSEPLPA CLGTLGPLPH GPWASACPEL 60  
PQPQWTGGWS CHCPEISPPS GEPPSCPCPP GTGGLWQQR GRETCRCERE SETETERERE120  
RHRERQRESE RARGSRGARA FAALPGPAD 149

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 487

25 (A) LÄNGE: 217 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 487:

FLNGRRTTLQ STEAGGARGR LRPKVRAGGV PGSRRQEGA QKLLKISRFL FQSICGARLL 60  
TRMARAFSLA SAAVGLRWRP LSWKGSCFQA LPSSVSLSEP GRSLRDEHAE PPLSWAGLVP120  
LVTGDGRGPS TCSSVGVTSS RLKCSSVSGS TTSSRASSSR ALMLATTSAW RSPSTFCPFT180  
45 SMSRSWARRP ERAAGEPGST ERMYPGRDL SLCRLNP 217

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 488

50 (A) LÄNGE: 298 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 488:

15 EIRAVGGGVC VDGMGTPGEG LGRCSHALIR GVPESLASGE GAGAGLPALD LAKAQREHGV 60  
LGGKLRQRLG LQLELPPEE SLPLGPLLGD TAVIQGDTAL ITRPWSPARR PEVDGVRKAL120  
QDLGLRIVEI GDENATLDGT DVLFTGREFF VGLSKWTNHR GAEIVADTFR DFAVSTVPVS180  
GPSHLRGLCG MGGPRTVVAG SSDAAQKAVR AMAVLTDHPY ASLTLPDDAA ADCFLRPGL240  
PGVPPFLLHR GGGDLFNSQE ALQKLSDVTL VPVSCSELEK AGAGLSSLCL VLSTRPHS 298

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 489

(A) LÄNGE: 175 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 489:

40 AGHRYQGDIR ELLQCLLAVG QIPTSTVQEE RGHTRQPRTK KETVSSCVIW EGQGGIWVIC 60  
QHCHCPDSSL GSVAAACHNS ARSPHAAETA QVGGTRDWHS GDGEVPERVR HDLSSSVIGP120  
FGEAYEKLPA GEENVSAIQR RVLVSYPHNS EPQVLQGFAD SIDLWPTSGA PGPRD 175

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 490

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 490:

LGPCPLGSRP CRQAAVPAAM TPQVAVLA AV APVVASVYLP APRAPFELWP DPEREGQPPH 60  
LPPTPGSLGL PGSGHGSSGP APPPASPSHP HRLPLQLPLGF LSFLVSSPV S GHPHSCRAV120  
10 ISAGAPPPED RVGGE GSPRL QASGTGSSGF 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 491

15 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 491:

30 FVKRTKQPRQ TLDAPCSALR LWGRCLLGEA VAQGVHCEAG PVDSAGGIHL ASGCLVSVYS60  
DIAFCCHLSC GQRGVSWHEN IFFFKCGSF 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 492

35 (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 492:

50

LTHLLFEKCL LPSLGLITKF DHDHIVVSQS ALEIVSGLHE VAMGVWSTLK LYQSCTYFQT60  
FLK 63

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 493

- 5 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 493:

20 DGSRLCHYI QKQDNLKLNG CPLQSQQVQP HSARPELQPL PKGIFPTAST PSKEHQGFVS60  
 VVLFFLQTID IYS 73

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 494

- 25 (A) LÄNGE: 318 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 494:

40 KCATFWSFPR RQGGLGIAIS EEDTLSGVII KSLTEHGVA TDGRLKVG DQ ILAVDDEIVV 60  
 GYPIEKFISL LKTAKMTVKL TIHAENPDSQ AVPSAAGAAS GEKKNSSQSL MVPQSGSPEP120  
 ESIRNTSRSS TPAIFASDPA TCPPIPGCET TIEISKGR TG LGLSIVGGSD TLLGAI I IHE180  
 VYEEGAACKD GRLWAGDQIL EVNGIDLRKA THDEAINVLR QTPQVRVRLTL YRDEAPYKEE240  
 45 EVCDTLTIEL QKKPGKGLGL SIVGKRNDTG VVFS DIVKGG IADADGR LMQ GDQILMVNGE300  
 DVRNATQEAV AVWIKVFP 318

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 495

- 50 (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 495:

15 SAFAEMGSDH TQSSASKISQ DVDKEDEFGY SWKNIRERYG TLTGELHMIE LEKGHSGGLGL 60  
SLAGNKDRSR MSVFIVGIDP NGAAGKDGRL QIADELLEIN GQILYGRSHQ NASSIIKCAP120  
SKVKIIFIRN KDAVNQMAVC PGNAVEPLPS NSENLOQNKET EPTVTTSDAA VDLSSFKNVQ180  
HSGASQGGRG VVWLLSAKKI HSVESS 206

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 496

- (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 496:

40 TSWIIMAPSS VSEPPTMLRP SPVRPLEISM VVSQPGIMGQ VAGSEAKIAG VDDLLVFRMD 60  
SGSGEPDCGT IRDWELFFFS PLAAPAAEGT AWESGFSAWM VSFTVIFAVF RRLINFSIG 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 497

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 497:

SAPSLTKCRS THVYPLSLIM FMSGSSRST LRRMVPTPST TSLSPRSSSS TSKLLTQSGP60  
SLPQPPASRP F 71

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 498

(A) LÄNGE: 139 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 498:

SRSPACGASE HGDGAMSLIC SISNEVPEHP CVSPVSNHVV ERRLIEKYIA ENGTDPINNQ 60  
PLSEEQILIDI KVAHPPIPKP PSATSIPAIL KALQDEWDAV MLHSFTLRQS CRQPAKSCHT120  
LCTSTMPPAV SLPVSPRKL 139

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 499

35

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 499:

50

TTGRERGCRP CAGLFYCFLE LMKLDHCLQN PAQALLPIPF TVSLVRRAMT RQAASCWYRA60

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 500

- 5 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 500:

FSFFNETRSL LTKPCTSPPA HPLHSSLGSA SPVSQELQQN GCGTATTTSI ERQEGRGAVG60  
 LVQGFIVFF F 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 501

- 25 (A) LÄNGE: 284 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 501:

EARGLATRTR SGAAAHAGDR FTDADDVAIL TYVKENARSP SSVTGNALWK AMEKSSLTQH 60  
 SWQSLKDRYL KHLRGQEHKY LLGDAPVSPS SQKLKRKAE DPEAADSGEP QNKRTPDLP120  
 EEYVKEEIQE NEEAVKKMLV EATREFEEVV VDESPPDFEI HITMCDDPP TPEEDSETQP180  
 45 DEEEEEEEEEK VSQPEVGAAI KIIRQLMEKF NLDLSTVTQA FLKNSGELEA TSAFLASGQR240  
 ADGYPIWSRQ DDIDLQKDDE DTREALVKKF GAQNVARRIE FRKK 284

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 502

- 50 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 502:

15

ETFSSSSSSS SSGCVSESSS GVGGSSSHIV ICISKSGGLS STTSSNSRV ASTSIFLTAS 60  
SFSWISSFTY SSSGKSGVLL FCGSPLSAAS GSSSAFRLSF WEEGLTGASP SRYLCSWPRR120  
CLR 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 503

20

(A) LÄNGE: 175 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 503:

40

VFLRCGWIII THSYMYFKIR RALIHNNLLK LPGGFHKHLF DCFILLDFF LHILFFRQIW 60  
SSLILWFPAI RGLRVLLRLP LELLGGGAHR RVPQOVLMLL APQVLEVAVL QGLPRVLRER120  
ALLHRFPQGV TGDGAGRAGI FLHVKGKGYV VRIREAIARV RCRSAPRARR QAPGF 175

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 504

45

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 504:

CPPEKSLQMF QPLSSPDSHR KGTGFGLGIV FSLTFFKRRM WPLAFGSGMG LGMAYSNCQH60  
DFQAPYLLHG KYVKEQEQ 78

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 505

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 504:

SKTSTLPVAI WTRQRLEHLQ GFLGWTSITR ILSSRPHPD TGPTSCRAFT QTCSPPPAPPA60  
FLSAGPRAPT PESLARAGNK SQVRKAGADA PDIAR 95

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 506

(A) LÄNGE: 156 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 506:

AIPNPMPEPK ANGHILLKK VSEKIPNPK PVPFLWLSGL DRGWNICRDF SGGHQLPGFY 60  
LHDRIQTPV PLPAELRLRH VPHRLQLSS RPAPALRPLK VSRELETSR SGRQAQTLQI120  
SRDDPLLPSL PVFSVGRQGD AVVWRLEVTL TLGCAY 156

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 507

5 (A) LÄNGE: 169 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 507:

20 AASGMLGSWP ARTFHPGACV SRRPSAPWKH TASGKDSPDL RFSEHGVSQE FWAGGLVAVL 60  
EMTPSPSPWG TQEGPAGMCS LWVVGWPCPR GAGVRDLVLV HAGVWCKHVC AVQRDACCES120  
RTPAPPRKGG AVTSVLCLEFL IKTFPLFSYK FASCKQVHKD PPLVKSGFE 169

## 25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 508

(A) LÄNGE: 155 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 508:

45 TQNTGNRSFAF PGWRWCAALS TRVSLYSTYM FTPHTCVDEH QITHPSSTTG TPADYPQAAH 60  
SGRALLGAPR GGARGHLQHC HQAASPEFLG NTVLGKPKVR AVLPRGRVLP GCGGPAADTG120  
PRVEGPGRPA SKHARRSLGE PGSVASSLLS LRSPI 155

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 509

50 (A) LÄNGE: 148 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 509:

15 ENRGNVLIKN KHKTLVTAPP FLGGAGVRLS PHASLCTAHT CLHHTPAWTS TRSRTPAPRQ 60  
GHQPTTHRLH IPAGPSWVPH GEGLGVISST ATRPPAQNSW ETPCSENRRS GLSFPEAVCF120  
QGAEGRRLTQ APGWKVLGQ LPSMPDAA 148

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 510

20 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 510:

NAYISGYERD FMTIQSNITL ADRETEVFHD LPSLPASLRQ NWIPTLVFFL PFTSFSLLYN60  
VLRDQNSHQN RLFLR 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 511

40 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 511:

5

FRDTEGLLAL MTFWMGLQLM TILILEERTL LIFSPIALLR RSTSYSESLH IPLVFLQAPE60  
PLVQMLY 67

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 512

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 512:

IFFFFFFFF PLRHLFNNCR NPKELASNLE VVSEAAGWLD WAQPLSCLNR PRNGIMMTMR 60  
TSILSSSHCV YYVFSFNKAF VPMALGLGR LKECVVILSK M 101

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 513

35

(A) LÄNGE: 179 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 513:

50

FGTMGGISDP DTLHIWKTNS LPLRFWVNIL KNPQFVFDID KTDHIDACLS VIAQAFIDAC 60  
SISDLQLGKD SPTNKLLYAK EIPEYRKIVQ RYYKQIQDMT PLSEQEMNAH LAEESRKYQN120

EFNTNVAMAE IYKYAKRYRP QIMAALEANP TARRTQLQHK FEQVVALMED NIYECYSEA 179

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 514

- 5 (A) LÄNGE: 179 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 514:

20 DRGAPALTPG HLHPLPPVPR SVSGMEAREL VRLPHLPSTA CTVPTHLLHN VQLVLLPRAP 60  
CIQAAKHKLQ ERRPPARRLQ PRNSTSSTLV QGALLELTFD WFLQLPKCY LHFPLTRRGS120  
WPQTVSSSVR FLLLGRLLE WVPAPWGAL WASPGAGRVE GRDGGHRSWE PRLQEKERG 179

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 515

- (A) LÄNGE: 200 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 515:

SGDRWEGMEV PRGQGGGAPV SESSPSSCPR PSRLCSVFPS LSHRHGVEDQ VEAQWASISP 60  
SSSLTNPCV SGLTVALVDV VLHQSHLLK LVLQLCPPGR GVGLQRGHD L RPIPLGVLIN120  
45 LCHGHIGVEL ILVFPRLGQ MGIHLLAER RHVLDLLVVA LHDLPVLRNL LGVEELVGWR180  
ILAQLQVRDG AGVDEGLRDD 200

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 516

50

- (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 516:

15

TSMEALLFRL FKLPAATLRC IGLRRPLVTH TLRRKCEHKA SRLCHGGCCC TLEPCVGRHR 60  
 DWDLERGKSS AKTGELHGR RTAAARGGSE RPVLGHRRRD PDAGGLRGQD GEALQHRGWH120  
 IPGSETLPGR GGHVPWPRPG RRHPHMC GF WDSQSLA 157

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 517

(A) LÄNGE: 401 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 517:

RTRCAGSVNT KPPGFVMAAA AARWNHVWVG TETGILKGVN LQRKQANFT AGGQPRREEA 60  
 VSALCWGTGG ETQMLVGCAD RTVKHFSTED GIFQGQRHCP GGEGMFRGLA QADGTLITCV120  
 40 DSGILRVWHD KDKDTSSDPL LELRVGPVC RMRQDPAHPH VVATGGKENA LKIWDLQGSE180  
 EPVFRANKVR NDWDLRVPI WDQDIQFLPG SQKLVTCTGY HQVRVYDPAS PQRRPVLETT240  
 YGEYPLTAMT LTPGGNSVIV GNTHGQLAEI DLRQGRLLGC LKGLAGSVRG LQCHPSKPLL300  
 ASCGLDRVLR IHRIQNPRGL EHKVYLKSQL NCLLLSGRDN WEDEPQEPQE PNKVPLEDTE360  
 45 TDELWASLEA AAKRKLSGLE QPQALQTRR RKKKRPGSTS P 401

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 518

(A) LÄNGE: 222 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

50

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 518:

15 SWEKLYVLVP DGNPQVQPI PHVLGPEHRF LRALQVPYLQ SILFPTCGNH MGVCWVLAHP 60  
THPRAHSQFQ EWVRGCVLVL VMPDSENPRI HTCDEGAVGL GEATEHALPA RAVSLTLEYA120  
ILGAEVLHRP VRAAHQHLGL AAGAPTQGAH CLLAPRLSSG REVRRLFSK IYPFQDPSLG180  
ADPHMVPACS SSRHDKAWRL CVHTSGAACA SPAGVEVRCT AV 222

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 519

20 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 519:

35 DPRPVSLTL ALLPRCHFLS SSVKYRLHIL SLNASTICVT PKDFWDFDET CEGEDTEKPV60  
ICKHLLLFPH HLWDISAVVS KWQIIN 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 520

40 (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 520:

5 ISSVNYHMTI QAQYKLGHCI LCGWISVAVF LTSPKKTSCR AELLVQAPDN DAPDFAFWGL60  
SLLLSHFLKL FAWPWHH 77

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 521

10 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 521:

25 CGNKSCKLQI TGFSVSSPSQ VSSKSQKSLG VTQIVLALSD KMCSLYLTEE ERKWHLGSSA60  
RVSKEITGLGS Q 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 528

30 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 528:

45 LTYLFFFFFF FFLGRSLGFI RSVGTLFRSE APPSHGVGDS GGRGNPSEHP GGCVVSMYFA 60  
LPHLFHGVPC QQALICGEG SKQRRPFRG GERAVAPRTP SPAHDIPEKE TKIKPRGLST120

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 529

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 529:

PLLKGGKLSA ALTNLSFFFF FFFFFGKKPW LYSLCGDTVP FRGPSQPWGG GQWWAWESQR60  
ASWRVRLHV FCSSPSFPWG PLPGSSTNMW 90

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 530

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 530:

NKAPGPFYVG APLKYGMVVG REAVAQQSLs PDYQLWGGFQ GARSRLGSSS HRHVGGGRKY60  
LQGGTVSEEQ DGRGFSACYG ILFKEMGVKP GTVAHA 96

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 531

- (A) LÄNGE: 497 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 531:

TPALVQRFRE GSGAPEQAE CVELLLALGE PAELCEEFL AHARGREKE LRNLEAELGP 60  
SPPAPDVLEF TDHGGSGFVG GLCQVAAAYQ ELFAAQGPAG AEKLAARQ LGSRYFALVE120  
10 RRLAQEQGGG DNSLLVRALD RFHRRRLRAG ALLAAAGLAD AATEIVERVA RERLGHHLQG180  
LRAAFLGCLT DVRQALAAPR VAGKEGPGLA ELLANVASSI LSHIKASLAA VHLFTAKEVS240  
FSNKPYFRGE FCSQGVREGL IVGFVHSMCQ TAQSFCDSPG EKGATPPAL LLLLSRLCLD300  
YETATISYIL TLTDEQFLVQ DQFPVTPVST LCAEARETAR RLLTHYVKVQ GLVISQMLRK360  
SVETRDWLST LEPRNVRAVM KRVVEDTTAI DVQVGLLYEE GVRKAQSSDS SKRTFSVYSS420  
15 SRQGGRYAPS YTPSAPMDTN LLSNIQKLES ERIDVFSPVE FNKVSFLTGI IKISLKTLAG480  
SVCGLRTFLA LCGLQQG 497

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 532

20 (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 532:

CGSGWSWPHW PATRPGQGPP SQPREVLPAW GGRLSGSPGR PPGDPAGGGP GARGPLVPRS 60  
PWQRLRARQR PAGPREPASA GSGGPAPAPA VSCHHHAPAPA PAAAPPAQNS GCPAAGRPP120  
ASRHLLGPGP QTAPGRPPPP GRGRPRSHCL HGR 153

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 533

(A) LÄNGE: 221 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 533:

5

YDQALHLHV GQQPPRRFPG LCTQRAHGRH WELILHQKLF ISESEDVGDG GRLVVQAEAG 60  
EQQEQRWCG TPLLPRVAE ALSRLAHRVD EAHDEALTD LTAELTPEVG LVGEGHLFGG120  
EKVHCCQRL NVAQDGAGHI GQQLGQARAL LPSHARCCQR LADVCQAAQE GRPETLQVVA180  
QALAGHSFHD LRGSVCEPGS GQQGPGSPQA PVEAVQRPHQ Q 221

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 534

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 534:

30

PSILIPMTPG GFFSVMVRAK TGSTHRCSPA VYPLMRRIPC WRILIGRQET TG 52

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 535

(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 535:

50

AGKKPPASHH KESGCPSRPS PTGHSTPPSD PLTDNSVW 38

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 536

(A) LÄNGE: 55 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 536:

SGCVPSHEED SMLEDHRQA RNHRLVIIRN PVVHLGQAPL ATPHRPQIRS LTIQS 55

20

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 537

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 537:

TRGPRKRLRR SGRRGGLRSW AGRERVLGTA LLGIYIVFPR IPGSGSEEAV TPYDRRLDS 60  
RNSPQAPAGQ STSSSFCFC DGLESRLKH TVSIDCIRFV QKPGQLTESH FLA 113

40

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 538

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 538:

10 EPADSQARGR QCLLLLHQVQ GIWLKACIFP GHKLPEPLKW EARQFQTNLF STHSTFKVC 60  
LLLLPVHPPS LQFFHSLTSE RVPGGSMVNK LTCMLQKKKK K 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 539

15 (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 539:

30 YSLCSQCVSA PLTLNRHRSR RKRKWWIAQL EPGDCYDCLD LCGHRASQPP QTLSLECGGT 60  
QCRFPGGGLSP RPSPCPPSSS GLLFYRFFLV SFLGLLFTEG TAALGFLVTS ALLGSDGSAS120  
ASWDLGMGTM MASTQMSWKM APRKSPYRSR FSRKVGSGTS GGEKSRSEAM AQVACCLTSL180  
LTHHSLEPTP APPRRSPR 198

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 540

40 (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 540:

KKNSSALIFL EEAADFGCQI SLRNGHFLRC FFLTESVDKL IKRLSHFKIT PKSSSTVFFF 60  
 FSFCFKITNQ VRSPTSSSMN SFVTELLSVC SPHCALNTVS AAPVCPLFRK ESIFNTFTIC120  
 TPWNLHMLTS YYKPTHPLS SGTGHPL 147

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 541

- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 541:

KNDRFPWTS L PGLKGALIKL FTEHVAEKHI YGLMPLLEA QSTPFQVTPS TMANIVKGLY 60  
 TLRPEWVQMA PTLFSKFIPN ILPPAVESEL SEYAAQDQKF QRELIQNGFT RGDQSRKRAG120  
 25 DELAYNSSSA CASSRGYR 138

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 542

- (A) LÄNGE: 179 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 542:

45

KACIPSDQSG FRWLQLYFLN LFQTFSLRRW NLNFLNMLLK IRNFKENLYR MVLQGVTS PG 60  
 RELGMSWLII ARQHVQVPGG TDSECIEYAF LPEKRTHWSC RDCIQSTVGA AHTQELCHKA120  
 VHGRGCWTSY LVCNFKTKK KKKNSAARLG GDFEMGQSFN EFIYRFCEEK ASQKVTISK 179

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 543

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 543:

IQFLEAAFAV FLHCMRFGNE CRNLLWAFTE LCQFGFYCLN LMLTWRGDGG QCCCGASSES60  
VCGELCCADV AVGGQVRGSA PSWKKSCLRV YV 92

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 544

- (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 544:

KPNWHRKVNA HSKFLHSFPN RIQCKKTAKA ASRNCIYWPL PEQQAAMPAP WPPELDACCA60  
DVLTLMRMLG YGSDSEEIHL SYSSLERSSC VFNMKHFIW 99

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 545

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 545:

QSQNTKVFVP IRIYTDPLTK VLLIMQFASS PSSWLGSPI WHDHIKRTPS DMISSKKVPS60  
LLPDHQRP HQ HNTTLRIQIH CWPHNSTVPH LLSRSA 96

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 546

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 546:

GRDAGQSEPW LSTSGCCAWG GCAPGARGCW GPGPPSLGVG RKPGRVSAS SVPERWIAWS 60  
PRPSEASATF RGAPKSILTA RLWASAWRPQ HRGSQNERPW SSSMKTSG 108

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 547

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 547:

PGRRAKRAMA VYVGMLRLGR LCAGSSGVLG ARAALSRSWQ EARLQGVRFI SSREVDMMVS 60  
TPIGGLSYVQ GCTKKHLNSK TVGQCLETTA QRVPEREALV VLHEDVRLTF AQLKEEW 117

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 548

- 5 (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- 15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 548:

20 PLLLELGKGQ PDVFMEDDQG LSFWDPLCCG LQALAHSLAV KMLFGAPLNV AEASDGRGDH 60  
AIHLSGTEEA DTLQPGFLPT PREGGPGPQH PRAPGAQPPQ AQHPDVDSHG SLCPASR 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 549

- 25 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 549:

40 RLSGPAANPR GAAGWRAAGA QELGMSYKPM RPWLPSSTPW SARHPLGPGA PRFPDREACA60  
CAVRGCSV 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 550

- 45 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 550:

10 GHCSPARRTR TPPCQGTGVP RAPGGAWQTR GCCWAARGAW VCRTSPTFGR QRHASRPLL60  
GWLGRSA 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 551

15 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 551:

30 DTAAPHGARA RLPVREPGCP GPQGVPGRPG GAAGQPGAHG FVGHPQLLGA SGTPAGRSSG60  
VGCGAAQP 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 552

35 (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 552:

50 SPISITETQQ FSNLIHTIT CLLRMALYLF SL 32

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 553

- 5 (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 553:

20 ITLQPISQNM FLLLNTQLF YLCVLFMPDH QYQ 33

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 554

- 25 (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 554:

40 SFYFGWSHYN ENKYNAILNR QVMVCIKLL NCCVSVIDIG DQA 43

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 555

- 45 (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 555:

10 CFTHWNVFPR LWMTSFLMER VQEGWKTPGF KLSIPHMFGS IIFRPEAARP EVRLHLSALF60  
VLLLATLGFL LGTMC GCGMC EQKGG 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 556

15 (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 556:

30 FNDGKTWQLK KTLVTNGGFL LFFPHPPFCS HMPQPHMVPS RNPKVARSSST KRADKCRRTS 60  
GRAASGLKMI EKPMWGMLSL NPGVFHPSWT LSIRKEVIHN RGKTFQ 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 557

35 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 557:

50 NINYIEIIFL FLLISPLGP HRLSPAQLAQ LAQLAHSPOV SRRHRALTMV GWHGVSNNAN 60  
SSHHPHPHSP SQRPLVVGPA VFQKGLTCTN LRQTYAPFSV SLASPSWED 109

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 558

- 5 (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 558:

20 LGIFVAYRNQ LGVPSLMRCS WKAIYARGGF TFVAPPFIDP SAFKKLECEN

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 559

- 25 (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 559:

40 FRLPFLTWHF CSLQEPAWCT FSYEMQLESH LCKRWFHFCR SSIH

44

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 560

- 45 (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 560:

10 RVNEWRSDKS ETTSCINGFP AASHKRRYTK LVPVSYKNAK LRMGV

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 561

(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren

15 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 561:

30 MRSRLPCEGL VARHPRELRV PSVRFWIDWP WVLT

34

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 562

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 562:

50 VSTHGQSIQK RTEGTRSSRG CRATSPSHGN RLLIQESFPQ NPPRARFQGH PLGRQSRQQP60  
FTEAMSQ 67

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 563

- 5 (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 563:

20 APMASQSRSA LRARVAHAGA VPPALHTAID SSFRNHFLKT HQGLGSKGTR 50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 564

- 25 (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 564:

40 YSIIFEQFFK CKSVSYSECV SEVIKDISQR YWPISLCNQR NSVSRLLLCV ICGS 54

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 565

- 45 (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 565:

10 CTMVNVDNTV SFLSSFLNVN LYLTQSVCLK LLRTFPNVTG PPFVIRGIL FQDYCCV 57

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 566

15 (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 566:

30 EKCQPHSLIL LWPFFILIK SHRSHTTIIL KQSSDYKGK WASNVGKCP 49

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 567

35 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 567:

50 GEGRVNPEG SKSRHWPDPH APWAPSPRQE QLFSIPSQTS SIFITMTFRE VSQASSRCPT60

IPSGGKRQEN SPRVPVMLLS PSQFRLSRTS YLQP

94

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 568

- 5 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 568:

20 GLTLKKGTFF RGPEIQADPN LTPCSRTQAH RPLNSNPTSP PPPPTPDFLI SWNAFQDWKS60  
PQGSSEPILS PARISSMHPG HAFHISRNK 89

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 569

- 25 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 569:

40 DVLDSLNDWG ESSMTGTRGE FSCLFPPEGI VGHLELAWET SLKVIVIKIE LVWEGMENS60  
SCLGLGAQGA GWSGQCLDLL PSGFHTRPS 89

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 570

- (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear

WO 99/55858

PCT/DE99/01258

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 570:

KSIAHSVIGY FHDFKWFYEE TESSDDVEVL TLKKFKGDLA YRRQEYQVEF NIWCLKWALV60  
LSVMAYVNNS VPS 73

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 571

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 571:

SADSQEIQRR PGLQTTRVSG RIQHMVLEVG SCFISYGICK

40

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 572

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 572:

NKSPQLQAPYV EGYLLILLSSV GQVSFEFLES QHFNIITAFQ FFIKPLEIMK IAYYRVSYAF60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 573

5

- (A) LÄNGE: 318 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 573:

GNLSLES LCN LYNWRYKNLG NLPHVQLLPE FSTANAGLLY DFQLINVEDE QGVGESEPNP 60  
 YFYQNLGEAE YVVALFMYMC LLGYPADKIS ILTTYNGQKH LIRDIINRRC GNNPLIGRPN120  
 KVTTVDRFQG QQNDYILLSL VRTRAVGHLR DVRRLVVAMS RARLGLYIFA RVSLFQNCFE180  
 25 LTPAFSQLTA RPLHLHIPT EPFPTTRKNG ERPSHEVQII KNMPQMANFV YNMYMHLIQT240  
 THHYHQTLQ LPPAMVEEGE EVQNQETEL TEEAMTVQA DIIPSPTDTS CRQETPAFER300  
 ESRPGGEGAI ALGGLGCF 318

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 574

30

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 574:

KTPKPPQQRNC PFPTGAALTL KGWSFLTAAG VCWTGYDVSL NSHGLFFCFQ LCFLILNFLT60  
 LFYHSRW 67

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 575

- (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 575:

SIMIMMCSLY QMHVHVYKV CHLGHIYYL YFMRWSLSIL SSSWERFCWN YMOMKGASCE 60  
LTESWSQFKT VLEEGYSGED IKSKSGSRHG HYQATDIPQM AHCPGSYQRK KNIVILLTLK120  
SINSCHLVWS SNQWIVSTSS IDDVANKMLL AIICC 155

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 576

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 576:

DHLGFISTKM RTNHGVRKGS LEEHKNLKL GGYHYIISYF HRSDLAKLCI LSLLTFI 57

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 577

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 577:

EKFFFLMTIFL QNFERKMCSF CCILCKKTAN RGKRTLQIKT ILVSFPQR

48

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 578

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 578:

LYFFKTLKEK CVLFAASFVR RLPTEEKGLY KLRPSWFHFH KDENKSWC

48

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 579

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 579:

GSFPNTMICS HLCGNETKMV LICKVLFPLL AVFLQRMQQK EHIFLSKF

48

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 580

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 580:

HCRILQGLSP LVGREKTTQV MRNFYSFQEL EEQLLIKFA LVTKYFYS

48

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 581

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 581:

IMPRAPLYRI PLNCNYVLLK SQLVKEELMV SVFVGNTCNT AEFYKGFLLW WAGKKPLKS 59

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 582

- (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 582:

GTLRPRSSDV LPIYLCFTTC LLSLTPNIFT YFSNSACHKF AASP

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 583

10

(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 583:

NVDSCQTHSL ALIPPLLSSS DIVNNDKQLL CTECFMCCS HFIHMY

46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 584

30

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 584:

LYMCIKCEQH IKKHSVHSSC LSLLTISLLE RGGIRARLC V

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 588

50

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 588:

GKPLVLHATP LSRCLPLHP TRSLILRPSL HLDPSFHHY LQRCSYYAPV YRGCPMTVP 60  
SQSNYSSGPK VWLSRAPLPR RGRPFQALPG WNWCRSLGC IVRPGVGVA LL 112

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 589

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 589:

GRSREAPAGW PKSTKPPSAR ENPWFSMPHL SPGALCLFTP QEALSYVLLS IYRTPVSITI60  
SRDVAIMRPS TGGARR 76

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 590

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 590:

AGLDQKEELR GVRQHQHGV RYTRGSSDTS SSPEGLGMAC HAGAMERVKA KPWDPKSNLT60  
AKAPSSSGTP CRRAHNSYIS GDSDGNWGPI DGEKDVG 97

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 591

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 591:

NGARLTSQPQ LYQRNHFIQI SQHFQRNTNV YGRVNIRSEN PLEEISVSMF IISAFRGLPV60  
WAK 63

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 592

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 592:

50

NGSFGTVGAV MSTWLHSKNP YEIFTVKFNY TCVTADFGGR QGLGLPFYLS

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 593

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 593:

AYLFIFLK GK NTFTFSSSPE AQTLLYLTT S QLTPLCDHQ C GVVRLKDDSG HMTSL 55

20

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 594

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 594:

SGDVCTESH C GLSRVKEKEQ QELSLGRWRR GGIDQARPWP W 41

40

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 595

- (A) LÄNGE: 47 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 595:

FKVGLWKGGDI VEGEAVLYT YKWYTPFIHG GQRSSDQVTY VQKVTVA

47

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 596

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 596:

SVLTTSQRLS SHFKSQIPTR AKVLLDLFHP FSTSLSTLA APSP

44

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 597:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1651 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 597

```

5 GAGCTGCCAA GCAGCCCACC TCCTGGGCTT CCCGAAGTGG CCCCAGATGC AACCTCCACT 60
 GGCCTCCCTG ATACCCCCCG AGCTCCAGAA ACCAGCACCA ACTACCCAGT GGAGTGCACC 120
 GAGGGGTCTG CAGGCCCCCA GTCTCTCCCC TTGCCTATTC TGGAGCCGGT CAAAAACCCC 180
 TGCTCTGTCA AAGACCAGAC GCCACTCCAA CTTTCTGTAG AAGATAACAC CTCTCCAAAT 240
 ACCAAGCCGT GCCCACCTAC TCCCACCACC CCAGAAACAT GGGGGGGGGG GGGGGGGGGG 300
 GCGCCGTCAT CTACTCCTTG TTCAGCTCAC CTGACCCCTT CCTCCCTGTT CCCTTCCTCC 360
 CTGGAATCAT CATCGGAACA GAAATTCTAT AACTTTGTGA TCCTCCACGC CAGGGCAGAC 420
 GAACACATCG CCCTGCGGGT TCGGGAGAAG CTGGAGGCCC TTGGCGTGCC CGACGGGGCC 480
10 ACCTTCTGCG AGGATTTTCCA GGTGCCGGGG CGCGGGGAGC TGAGCTGCCT GCAGGACGCC 540
 ATAGACCACT CAGCTTTTCAT CATCCTACTT CTCACCTCCA ACTTCGACTG TCGCCTGAGC 600
 CTGACCAAGG TGAACCAAGC CATGATGAGC AACCTCACGC GACAGGGGTC GCCAGACTGT 660
 GTCATCCCCCT TCCTGCCCCCT GGAGAGCTCC CCGGCCCAGC TCAGCTCCGA CACGGCCAGC 720
 CTGCTCTCCG AGCTGGTGCG GCTGGACGAA CACTCCAGA TCTTCGCCAG GAAGGTGGCC 780
15 AACACCTTCA AGCCCCACAG GCTTCAGGCC CGAAAGGCCA TGTGGAGGAA GGAACAGGAC 840
 ACCCGAGCCC TCGGGGAACA GAGCCAACAC CTGGACGGTG AGCGGATGCA GCGGCGGCA 900
 CTGAACGCGC CCTACTCAGC CTACCTCCAG AGCTACTTGT CCTACCAGGC ACAGATGGAG 960
 CAGCTCCAGG TGGCTTTTGG GAGCCACATG TCATTTGGGA CTGGGCGGCC CTATGGGGTC1020
 AGAATGCCCT TTGGGGGGCA GGGGCCCTTG GGAGCCCCGC CACCCTTTCC CACTTGGCCG1080
20 GGGTGCCCGC AGCCGCCACC CCTGCACGCA TGGCAGGCTG GCACCCCCC ACCGCCCTCC1140
 CCACAGCCAG CAGCCTTTCC ACAGTCACTG CCCTTCCC GCAGTCCCCAGC CTTCCCTACG1200
 GCCTCACCCG CACCCCTCA GAGCCAGGG CTGCAACCCC TCATTATCCA CCACGCACAG1260
 ATGGTACAGC TGGGGCTGAA CAACCACATG TGAACACAGA GAGGGTCCCA GGCGCCCGAG1320
 GACAAGACGC AGGAGGCAGA ATGACCGCGT GTCCTTGCCCT GACCACCTGG GGAACACCCC1380
25 TGGACCCAGG CATCGGCCAG GACCCCATAG AGCACCCCG TCTGCCCTGT GCCCTGTGGA1440
 CAGTGGAAGA TGAGGTCATC TGCCACTTTC AGGACATTGT CCGGGAGCCC TTCATTTAGG1500
 ACAAACGGG CGCGATGATG CCCTGGCTTT CAGGGTGGTC AGAACTGGAT ACGGTGTTTA1560
 CAATTCCAAT CTCTCTATTT CTGGGTGAAG GGTCTTGGTG GTGGGGGTAT TGCTACGGTC1620
 TTTTAATTAT AATAAATATT TATTGAATGC T 1651
30

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 598:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 35 (A) LÄNGE: 3304 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 598
- 55 AAACCCTCTT GGCTGTCTGC TGTCCAGGGA GTCGCCACTC CCTTCATTAT AGCCTTGCTC 60  
AGAGTGCAGC GGCAGGCCTG GGGATGGCCT CGGGAGAGGG ACCACAGAGC ACCAGCCTGC 120  
ATGGAACCTC CTTCTCACT CAGCTTCCCA CGTTGCCAGC TGGGACAGGG GAGATGGAGT 180

AATTTTGCTG TGGAAAGACT TCACGTCTTG CCGAATGAAA GTCCCGCCTG TCTGTACAGC 240  
 TGATGCCCCG GCAGCTGTCT GAGCACCCGG AATGGAATGA GTCTATGCAC TCCCTCCGGA 300  
 TCAGTGTGGG GGGCCTTCCT GTGCTGGCGT CCATGACCAA GGCCGCGGAC CCCCCTTCC 360  
 GCCCCGCTG GAAGGTGATC CTGACGTTCT TTGTGGGTGC TGCCATCCTC TGGCTGCTCT 420  
 5 GCTCCCACCG CCCGGCCCCC GGCAGGCCCC CCACCCACAA TGCACACAAC TGGAGGCTCG 480  
 GCCAGGCGCC CGCCAACTGG TACAATGACA CCTACCCCTT GTCTCCCCCA CAAAGGACAC 540  
 CGGCTGGGAT TCGGTATCGA ATCGCAGTTA TCGCAGACCT GGACACAGAG CCAACCGCCC 600  
 AAGACGAAAA CACCTGGCGC AGCGACCTGA AAAAGGGCTA CCTGACCCTG TCAGACAGTG 660  
 GGGACAAGGT GGGCTGGGAA TGGGACAAAG ACCATGGGGT CCTGGAGTCC CACCTGGCGG 720  
 10 AGAAGGGGAG AGGCATGGAG CTATCCGACC TGATTGTTTT CAATGGGAAA CTCTACTCCG 780  
 TGGATGACCG GACGGGGGTC GTCTACCAGA TCGAAGGCAG CAAAGCCGTG CCCTGGGTGA 840  
 TTCTGTCCGA CGCGGACGGC ACCGTGGAGA AAGGCTTCAA GGCCGAATGG CTGGCAGTGA 900  
 AGGACGAGCG TCTGTACGTG GCGGGCCTGG GCAAGGAGTG GACGACCACT ACGGGTGATG 960  
 TGGTGAACGA GAACCCGGAG TGGGTGAAGG TGGTGGGCTA CAAGGGCAGC GTGGACCACG 1020  
 15 AGAACTGGGT GTCCAACTAC AACGCCCTGC GGGCTGCTGC CGGCATCCAG CGGCCAGTA 1080  
 ACCCTCATCCA TGAGCTGCC TGTCTGGAGT ACACGCTGCA GCGCTGGTTC TTCTGCCGCA 1140  
 GCCGCGCCAG CCAGGAGCGC TACAGCGAGA AGGACGACGA GCGCAAGGGC GCCAACCTGC 1200  
 TGCTGAGCGC CTCCCTGTAC TTCGCGGACA TCGCTGTGAG CCACGTCGGG GCGGTGGTCC 1260  
 CCACTCACGG CTTCCTGTCC TTCAAGTTCA TCCCAACAC CGACGACCAG ATCATTGTGG 1320  
 20 CCTCAAAATC CGAGGAGGAC AGCGGAGTAG TCGCCTCCTA CATCATGGCC TTCACGTCAG 1380  
 ACGGGCGCTT CCTGTTGCCG GAGACCAAGA TCGGAAGCGT GAAATACGAA GGCATCGAGT 1440  
 TCATTTAACT CAAAACGGAA ACACTGAGCA AGGCCATCAG GACTCAGCTT TTATAAAAC 1500  
 AAGAGGAGTG CACTTTTGTT TTGTTTGTG CTTTGTGGAA CTGTGCCTGG GTTGGAGTGG 1560  
 TGGACAGGGA GCGCAGTCCC GGGCCCAATG GTGGTGCGGG CACTGGACCC CGGGGCCCA 1620  
 25 CGGAGGCCGC GGTCTGAAGT GCTTTCCATG CTGCCATCTG GTGGTGATTT CGGTCACTTC 1680  
 AGGCATTGAC TCAAGGCCTG CCTAACTGGC TGGGTGCTTT CTTCATCCG ACCTCGTTTC 1740  
 TTTTCTTTCC TATGTTCTTT TGTTCAGTGA ATATCCCTAG AGCTCCTACC ATATGTCAGG 1800  
 CCTATGCCCT CACCCTGAGA ACGCAGTGAG CATGAGGTGG ACCTGTTTGC TGGGAACCCC 1860  
 AGGTACCCCC CTTTTCTTCC CAAACTTGGT GCCTTGGAAG AATCAGGTCC AGCCTGAAG 1920  
 30 ATCCTTGGGG AAGAAAATGT TTAGTTTGCA GGGTATTGCA TGGTCACGAG TGAGGGGCGAG 1980  
 GCCCTGGGGG GACACATCTG CCCACAGCTG CACAGGCCAG GGGCACAGGC ACATCTGTTG 2040  
 GTTCTCAGGC CTCAGATAAA ACCATCTCCG CATCATATGG CCAGTGACCG CTTTCTCCCT 2100  
 TCAAGAAAAT TCTGTGGCTG TGCAAGTCTT TGAAGTTTAA ATTATTAACC TGCTTTAATT 2160  
 AAAGCAGTTT CCTTTCTTAT AAAGTGAAT CACCAAATCT TATCACACAG AGCACAGTCC 2220  
 35 TGTAGTTACC CAGCCCGCTC CAGCAGTGGG GGAGATTGTA AGGAAGCGGT GCGGCTGGT 2280  
 GAAGCAAGTC TCACATGTCG GCGTTCTTGG CCAATGGATA CAAAGATAAA GAAAATGTTG 2340  
 CCTTTTCTA GGAAGTGTCA GAAATCCTCA TGCCCTTCAA GACTTCTGTG AATGACTTGA 2400  
 ATTTTCTTAT CCCTGCCCTG GGTCTGTGAA CGAGGCCTGT CTCTCCCTG GGGTTTCTTT 2460  
 CCATGGCCTT TATTCTCCT CTTCAGTGG GAGTTTGTCA GGCTCTTCTC TGTGGAAGT 2520  
 40 TCACGAGCGT TGGCTGGGCC TCGGCTTCGC TGGAGTGTA TCCAGGGTGA AGGCAGAGTG 2580  
 GGATTGTAGA CCCAGGTTAG GCACGACCCA GGCTGAGAAG GGACGTTTCC ATCATTACAC 2640  
 GTGCCCTCCC CACAGCAACT ACCTCACCCC GACCCCAACC CTCCTCCTA CCCCACCCCG 2700  
 CGATCGTCAG GGGTGCCACG GTGGGCCGGA GGGTGCCGGC TCTGGCTGTC CCTGTGCCGG 2760  
 TCCCTCACAA ACCTCTCCCC CTTTGAAACT CAAGCACAGC TGCGAGGAGG GCAGCGAGGA 2820  
 45 GGGACCCCTC TCTCATGGTT GTCTCTTTCC CCCGCTATGT CATAGGTAGT GGAGGAAGCG 2880  
 AAGGAAGTGA ACGCTGAATG TGACGCATTT CTGAAGAGCT CAGCTGTCAC CGGGCATAGC 2940  
 CTGGAAGCCC CAAGTCTGTT CTGACTTTGC CTGGCTGTCT CCTTGACCCG CCTCCTAGAT 3000  
 CATTGTCTTT GATGTCCAGG CTGGGTCAAT TAAATAGAG ATGCAATCAG GAAGGTGGG 3060  
 GGACTTGGGA CTGTGGCTGA ATTGAGACCT TGCTGATGTA TTCATGTCAG CACCTGAGTC 3120  
 50 ACAGCCAGG TGCCCGGAAG CAGCCTCTTC GCATAGGCAG TGATTGCGA TTACTTTAAA 3180  
 GCTCACCTTT TTTCTTCCCC TCTCTGTTCC CTGCTGTCAG CATAATGATT GTGTCTCTC 3240  
 CCTATGGGAT CCATCTGTTT TGTAAACAAT AAAGCGTCTG AGGGAGTGTA AAAACAGAT 3300  
 GGAT 3304

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 599:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 878 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: lin ar

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 599

20 GCGGCCGCGC CAGTCTCGCT TCATGACGCA GCCGGTGACC TTCGACGAGA TCCAGGAGGT 60  
GGAGGAGGAG GGGGTGTCCC CCATGGAGGA GGAGAAGGCC AAGAAGTCGT TCCTGCAGAG120  
CCTGGAGTGC CTGCGCCGCA GCACGCAGAG CCTGTCGCTG CAGCGGGAGC AGCTCAGCAG180  
CTGCAAACTG AGGAACAGCC TGGACTCCAG CCACTCCGAC TCGGCCCTGT AAGGGGCGCC240  
GCCCGCGGGG GGGACGCGCG CGTCCGCGGT CCGCGCGGGG ACCGGCGTGT GAACCCCGAG300  
AGTCCCCGCG CCCTGCTCCC GGGGACCCG CAAGGACCCG GGACCGCCGC TCCTCGCGCG360  
CTCGGACTCC CGCCCCGCTG CGAACCCTGC GGTGCGCCCC TCGCCGCGCT CGCCCTGGCC420  
25 CGGGAGCGCC GGGAGCGGGG CCGCTTTCCT CGTCCTTGTA AATGTTTATT TTTTAACTCT480  
TCCAGTGCG AACTCTGCTG TGAGTGTGTG CCGGGAGGCG CGCCCGCGCT GAGTCGGCGG540  
CGGGTAGCCA CTCCATGCCC TTGTCCGATG GTTTGCAACT CCGATTTTGC ACACCGCTCC600  
ACCGTGCCCC CCAGCGCACA CCCATTACA CTCACGCCAA CACTCTCGCT GAACACTTTT660  
ATAATTGTTA GGCGTGCCG TTGGGACTTT GGGCGCAGCG CGGCTGCTAC TGGCTCTGGA720  
30 GGATTGATAT TTATTTTGC ATTGCGATGG CTGAAGGCAT TTATTTAACG ATCTTTTAC780  
CTGGATATGT CTGTGAGGCT CCTGAAAGGA GACAAATAAA GTCAATATAT TTGCACAGTG840  
CAAAAAAAAA AAAGAAAGAA AAGAGAAGGT TCGAGAAA 878

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 600:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2760 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 600

5 CACCCAACCT GTGTTGTTGC GCCTCGGCC TTNCCTCCAC AGNTCTNCTT NCTNCCGCC 60  
 GGCACCTCTG TGGACCCCTT NTTAGTTCAC AGGCACGGNT GGGGCCGGTC TGTGCTGGCG 120  
 NCTGCTGGCC ACTGAGGGAC AGGGACACGT GCCACCTGCT CATCTCTGCC CTGAGGTCAC 180  
 CCCGTGGTCC CTCACCGTGC CCATCTCTCT GCAGTGCCCT CCTCGCCTGT GCAGCCCGCC 240  
 CACCCACAGG CTCACCCCTC CTGCCGGCTG CCAGAGGCC CCTCCAGCAG GGCTCTCTC 300  
 CGTNGCCCCA GCTTCACTCT CTCCCTCAGC ACCTGCCCTG CTGGAGGCC CAGCCCTCCG 360  
 10 TGGACAGCAG GGGCCACGTG GAGCCCGGGC CGTCCACCG CCACCCAGTG CTGGCCGCT 420  
 TCTTGGTGCC AAACCCCTT CCCCCACCA GAGACTGGG AGCTGTGTCT GTTTCGTTCT 480  
 TTGCACTAAC CACATTTGTC ATCTCTAGG CAGCTGGGG CTGCGGGCTG AGGGGGACCG 540  
 CTGGCCACCC CTTCCCTCC CTTCTTGGT CCATTTCCAT CCATGACAGG TACAGCATCC 600  
 CAGGAGCCCG GCCTGAGGG CTGGACCCGA GCCGGCTGTG AACATCCCTC AGCCCTGCT 660  
 15 GTCCCCCTT GGGACTAACC ACTAACCTCA CCCCCAACT CCACGGGTGC CCCTAGCTGG 720  
 CCCAGAGCCG CAGTGTGAG CCCAAGTCCG GGCTGGAGC GAGGCCGAG CAGCTGTCT 780  
 GGAGTCAAGG CTGCAGTAGC GTTCTTCAT GGGGTGCTCC AGGGGGTGCC ACAGACCGAC 840  
 AGGCAGCCCA AGGCCTTGA CACCCCTCCC CAGGCAGGTG CTGCCCCAGG AGGACTGTCC 900  
 TCGGGAATGA ACCTCCCGCG GGCTTTGGAC TGAGGTCCCT GTGGCCTCGG TCTCCTCCCC 960  
 20 ATGAAGTGGG AGCGAGGCTC CCCAATGGT CTTTGGCTT TAGTGACGA TGTTTGTGT 1020  
 GCTTCCCGCC GTGGAGGCCA GAGCCACCCC ACATCAGGAT CGGACGTGCT ACCCTCCCG 1080  
 GTCCCGGCC TGGCCAGCC AGCCAGCCC TCAGGCTCG ATGCTGTGC CAAGGCCAGG 1140  
 GGCAGCCAGA GGGCAGCTG ATGGCCACGT GCAGGGGTCA AGGCTGGGCC CTGCAGTGGG 1200  
 25 GCGGGCCGCC AGCCACAGCA GTTACAGAC GCATGGCTCT TCCTCCAGA GCAGCCGCA 1260  
 GCTACCTGGA CCGGAAATGT CCTCATCCCC TCCTGGGGC CAGGCTCTGC CCTGGCCTTC 1320  
 CTCTGTGAAC CCCTCCTTTC TTTGTGTGG TGCTGGGAC CAAAAGGGG GAATATGGGA 1380  
 GGGCAGAGTG GGGAGGGGAG TCCATGGGCC TGGGGCCCCA AGCCGGGGCG TCTGAGCTCC 1440  
 CCAGGCTGCA CCAACCTCA GTGGAGGGC CTCTGCTTCA GGCCCGCCT GGCTGACATT 1500  
 30 CTGAGCCCCC CTCGAGGCC CCGCCACAGC CAACCTGCCC AGTCTTTCCT CTGGGCTTGA 1560  
 CCCGCCAGG GAGTCTCCA GGCCTAGGGC CAGGAGAGAG GCCCTGGCAC CCTGGCGTGG 1620  
 GTGCCGCCCA AACGCCCTGC GACCGCTACA GAAGCACAAA TGCTGTCCAT GGCCGTGAGG 1680  
 CTGCGTGCCA GGTGAATGGA CATAGCGTGA GAGCGGTGA GGCCAGGGCT TCCAGCTCG 1740  
 TGCTGTCTCG GGAATCTGA CCGTGGTGTG CGTGTGTGCC CGTCTGTGAC TTTCTACTCA 1800  
 CCAAGGTTGA AGAAAGGAAA CCGGGGAAAT CAAAAGGGGT TCAAACCCCA CCTCAGTAGG 1860  
 35 TGGAGGGGAG CGCCTGCCAT TGGTTGTATT TTTGTTCTGA GTTTTCGGTG CCGTGTTCCT 1920  
 AACTACTCGA TCCATGACC TCGCCACACC TACTGGGCA TCTGGCTGGT GCCTGCTGCC 1980  
 ATGGCCAGCC CCCACTTCTC ACCCTGCACA GGGGGTCTTG CAGCCCCAG GCCCACAGCC 2040  
 TCGTTGGGAG GACAGGGTGG CCCTGGGGAC AAGAGGGAGG AGCCAGGGG CTTACCTCAC 2100  
 TGAGAGTGCT CCCAGCAGG CATCCACTAC CCCAGGGCCC CCCACATGTC ATGGCAAGGT 2160  
 40 TGGTAGTGAA TGGGCTGGT TGGGAGCAGC CCTGGGCCA TTGCCCCACC ACCCATCTCA 2220  
 CTATGCAATT CGAGTTCCAA GCAACATTG CTCTGCCCT GGGGCCAGCT CTGCCCCAGC 2280  
 CCTGAGAGGG GTGGTGAGGC AGCCCCCTGG ACCCAGAAC CCCAGACAAG GGGGCAGGCG 2340  
 GGGGACCAGG GCCTCTCCTG TGGGATCTTT GTTTTGTGTT TAACCATAAT GGTGTGTAC 2400  
 TGAACCACTT CATATTTGTT ATATATAATA TATATATA TAATCTCCTT AAGACTCAGC 2460  
 45 CTCTGGTTT ACCCCCCCGG CCTGGGCATC TGACCTCCCC CACCCAGTG TGATTTAACA 2520  
 TCCAGGAACT GAGGCTGAA CCATTTTGCA TTTCCCCCTC CTCCAGCCTC TGAGGGCCA 2580  
 TGGCTGTATG TACTGTCCGT GTGTTTTTTT GTTTTTTTAG AACTGGGTTT GGGGGCTGAT 2640  
 TTTTATTTCT TTGGGGGCTT TTTTCTTG CAAATACTAA AAATCTCGTC AATGTAATTT 2700  
 50 CTGTGGTTTC TATTCAGCTT GGGTTTCATG TTTTAAATA AATTTTAAAA AGCAAAAAA 2760

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 601:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1021 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 601

```

15 GCGCGGGCCG CGAGAGCAGT AGGTGTTAGC AGCTTGGTCG CGACAGGGGC GCTAGGTAGA 60
 GCGCCGGGAC CTGTGACAGG GCTGGTAGCA GCGCAGAGGA AAGGCGGCTT TTAGCCAGGT 120
 ATTTCAGTGT CTGTAGACAA GATGGAATCA TCTCCATTTA ATAGACGGCA ATGGACCTCA 180
 CTATCATTGA GGGTAACAGC CAAAGAACTT TCTCTTGTC ACAAGAACAA GTCATCGGCT 240
 ATTGTGGAAA TATTCTCCAA GTACCAGAAA GCAGCTGAAG AAACAAACAT GGAGAAGAAG 300
20 AGAAGTAACA CCGAAAATCT CTCCAGCAC TTTAGAAAGG GGACCCTGAC TGTGTTAAAG 360
 AAGAAGTGGG AGAACCAGG GCTGGGAGCA GAGTCTCACA CAGACTCTCT ACGGAACAGC 420
 AGCACTGAGA TTAGGCACAG AGCAGACCAT CCTCCTGCTG AAGTGACAAG CCACGCTGCT 480
 TCTGGAGCCA AAGCTGACCA AGAAGAACAA ATCCACCCCA GATCTAGACT CAGGTCACCT 540
 CCTGAAGCCC TCGTTCAGGG TCGATATCCC CACATCAAGG ACGGTGAGGA TCTTAAAGAC 600
25 CACTCAACAG AAAGTAAAA AATGGAAAAT TGTCTAGGAG AATCCAGGCA TGAAGTAGAA 660
 AAATCAGAAA TCAGTGAAA CACAGATGCT TCGGGCAAAA TAGAGAAATA TAATGTTCCG 720
 CTGAACAGGC TTAAGATGAT GTTTGAGAAA GGTGAACCAA CTCAAATAA GATTCTCCGG 780
 GCCCAAAGCC GAAAGTCAAG TGGAAAGGAAG ATCTCTGAAA ACAGCTATTC TCTAGATGAC 840
 CTGGAATAG GCCCAGGTCA GTTGTCTATCT TCTACATTG ACTCGGAGAA AAATGAGAGT 900
30 AGACGAAATC TGGAACCTCC ACGCCTCTCA GAAACCTCTA TAAAGGATCG AATGGCCAAG 960
 TACCAGGCAG CTGTGTCCAA ACAAGCAGC TCACCGACTA TACCAATGAG CTGAAGCCAG 1020
 G 1021

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 602:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 2889 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 602

```

5 GATCAGGCCT GTGGTCCAGC TCACTGCCAT TGAGATTCTA GCTTGGGGCT TAAGAAATAT 60
 GAAAACTTC CAGATGGCTT CTATCACATC CCCAGTCTT GTTGTGGAGT GTGGAGGAGA 120
 AAGGGTGGAA TCGGTGGTGA TCAAAAACCT TAAGAAGACA CCCAACTTTC CAAGTTCTGT 180
 TCTCTTCATG AAAGTGTCTT TGCCCAAGGA GGAATTGTAC ATGCCCCCAG TGGTGTATCA 240
 GGTCATCGAC CACAGGCAGT TTGGGCGGAA GCCTGTCGTC GGCCAGTGCA CCATCGAGCG 300
 CCTGGACCGC TTTCGCTGTG ACCCTTATGC AGGGAAAGAG GACATCGTCC CACAGCTCAA 360
 AGCCTCCCTG CTGTCTGCCC CACCATGCCG GGACATCGTT ATCGAAATGG AAGACACCAA 420
10 ACCATTACTG GCTTCTAAGC TGACAGAAAA GGAGGAAGAA ATCGTGGACT GGTGGAGTAA 480
 ATTTGATGCT TCCTCAGGGG AACATGAAAA ATGCGGACAG TATATTGAGA AAGGCTATTG 540
 CAAGCTCAAG ATATATAAAT GTGAAGTAGA AAATGTAGCA GAATTTGAGG GCCTGACAGA 600
 CTTCTCAGAT ACGTTCAAGT TGTACCGAGG CAAGTCGGAT GAAAATGAAG ATCCTTCTGT 660
 GGTGGAGAG TTAAAGGGCT CCTTTCGGAT CTACCCTCTG CCGGATGACC CCAGCGTGCC 720
15 AGCCCTCCCT AGACAGTTTC GGAATTACCT TGACAGCGTC CCACAGGAAT GCACGCTATT 780
 GATTTACATT GTTCGAGGCT TAGAGCTCCA GCGCCAGGAC AACAATGGCC TGTGTGACCC 840
 TTACATAAAA ATAACACTGG GCAAAAAAGT CATTGAAGAC CGAGATCACT ACATTCCCAA 900
 CACTCTCAAC CCAGTCTTTG GCAGGATGTA CGAAGTGAAG TGCTACTTAC CTCAAGAAAA 960
 AGACCTGAAA ATTTCTGTCT ATGATTATGA CACCTTTACC CGGGATGAAA AAGTAGGAGA 1020
20 AACAAATTAT GATCTGGAAA ACCGATTCCCT TTCCCGCTTT GGGTCCCACT GCGGCATACC 1080
 AGAGGAGTAC TGTGTTCTTG GAGTCAATAC CTGGCGAGAT CAACTGAGAC CAACACAGCT 1140
 GCTTCAAAAT GTCGCCAGAT TCAAAGGCTT CCCACAACCC ATCCTTTCCG AAGATGGGAG 1200
 TAGAATCAGA TATGGAGGAC GAGACTACAG CTTGGATGAA TTTGAAGCCA ACAAATCTCT 1260
 GCACCAGCAC CTCGGGGCCC CTGAAGAGCG GCTTGCTCTT CACATCCTCA GGACTCAGGG 1320
25 GCTGGTCCCT GAGCACGTGG AAACAAGGAC TTTGCACAGC ACCTTCCAGC CCAACATTT 1380
 CCAGGGAAAA CTTCAGATGT GGGTGGATGT TTTCCCCAAG AGTTTGGGGC CACCAGGCCC 1440
 TCCTTTCAAC ATCACACCCC GGAAGGCCAA GAAATACTAC CTGCGTGTGA TCATCTGGA 1500
 CACCAAGGAC GTTATCTTGG ACGAGAAAAG CATCACAGGA GAGGAAATGA GTGACATCTA 1560
 CGTCAAAGGC TGGATTCTTG GCAATGAAGA AAACAACAG AAAACAGATG TCCATTACAG 1620
30 ATCTTTGGAT GGTGAAGGGA ATTTAACTG GCGATTTGTT TTCCCGTTTG ACTACCTTCC 1680
 AGCCGAACAA CTCTGTATCG TTGCGAAAAA AGAGCATTTT TGGAGTATTG ACCAAACGGA 1740
 ATTTGCAATC CCACCCAGGC TGATCATTCA GATATGGGAC AATGACAAGT TTTCTCTGGA 1800
 TGACTACTTG GGTTCCTTAG AACTTGACTT GCGTCACACG ATCATTTCTG CAAAATCACC 1860
 AGAGAAATGC AGGTGGGACA TGATTCCGGA CCTCAAAGCC ATGAACCCCT TAAAGCCAA 1920
35 GAAGTTCATC CTCTTTGAGC AGAAGTCCAT GAAAGGATGG TGGCCATGCT ACGCAGAGAA 1980
 AGATGGCGCC CGCGTAATGG CTGGGAAAGT GGAGATGACA TTGGAAATCC TCAACGAGAA 2040
 GGAGGCCGAC GAGAGGCCAG CCGGGAAGGG GCGGGACGAA CCCAACATGA ACCCCAGCT 2100
 GGACTTACCA AATCGACCAG AAACCTCCTT CCTCTGGTTC ACCAACCCAT GCAAGACCAT 2160
 GAACTTCATC GTGTGGCGCC GCTTTAAGTG GGTTCATCAT GGCTTGCTGT TCCTGCTTAT 2220
40 CCTGCTGCTC TTCGTGGCCG TGCTCCTCTA CTCTTTGCCG AACTATTTGT CAATGAAGAT 2280
 TGTAAGGCCA AATGTGTAAC AAAGGCCAAG GCTTCATTTC AAGAGTCATC CAGCAATGAG 2340
 AGAATCCTGC CTCTGTAGAC CAACATCCAG TGTGATTTTG TGTCTGAGAC CACACCCAG 2400
 TAGCAGGTTA CGCCATGTCA CCGAGCCCCA TTGATTCCCA GAGGGTCTTA GTCCTGGA 2460
 GTCAGGCCAA CAAGCAACGT TTGCATCATG TTATCTCTTA AGTATTAATA GTTTTATTTT 2520
45 CTAAAGTTTA AATCATGTTT TTCAAATAT TTTTCAAGGT GGCTGGTTCC ATTTAAAAAT 2580
 CATCTTTTAT TATGTGCTCT CGGTTCTAGA CTTACAGCTT TGGAAATTGC TAAATAGAAT 2640
 TCAAAAATCT CTGCATCCTG AGGTGATATA CTTCATATTT GTAATCAACT GAAAGAGCTG 2700
 TGCATTATAA AATCAGTTAG AATAGTTAGA ACAATTCTTA TTTATGCCCA CAACATTGCT 2760
 TATATTTTGT ATGGATGTCA TAAAGTCTA TTTAACCTCT GTAATGAAAC TAAATAAAAA 2820
50 TGTTTCACCT TAAACATA GGGGGGGTGG TCGGGGGGTC GGGAGGGGGG GGGGTGGTGT 2880
 GGGGTGTGG

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 603:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 3638 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einz lnen ESTs durch Ass mblierung und Editierung  
hergest lte partiell cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 603

```

AGAGTTTCAG TTTTGGCAGC AGCGTCCAGT GCCCTGCCAG TAGCTCCTAG AGAGGCAGGG 60
GTTACCAACT GGCCAGCAGG CTGTGTCCCT GAAGTCAGAT CAACGGGAGA GAAGGAAGTG 120
GCTAAACACAT TGCACAGGAG AAGTCGGCCT GAGTGGTGCG GCGCTCGGGA CCCACCAGCA 180
20 ATGCTGCTCT TCGTGCTCAC CTGCCTGCTG GCGGTCTTCC CAGCCATCTC CACGAAGAGT 240
CCCATATTTG GTCCCGAGGA GGTGAATAGT GTGGAAGGTA ACTCAGTGTC CATCACGTGC 300
TACTACCCAC CCACCTCTGT CAACCGGCAC ACCCGGAAGT ACTGGTGCCG GCAGGGAGCT 360
AGAGGTGGCT GCATAACCCCT CATCTCCTCG GAGGGCTACG TCTCCAGCAA ATATGCAGGC 420
AGGGCTAACC TCACCAACTT CCCGGAGAAC GGCACATTTG TGGTGAACAT TGCCCAGCTG 480
25 AGCCAGGATG ACTCCGGGCG CTACAAGTGT GGCCTGGGCA TCAATAGCCG AGGCCTGTCC 540
TTTGATGTCA GCCTGGAGGT CAGCCAGGGT CCTGGGCTCC TAAATGACAC TAAAGTCTAC 600
ACAGTGGACC TGGGCAGAAC GGTGACCATC AACTGCCCTT TCAAGACTGA GAATGCTCAA 660
AAGAGGAAGT CCTTGTACAA GCAGATAGGC CTGTACCCTG TGCTGGTCAT CGACTCCAGT 720
GGTTATGTGA ATCCCAACTA TACAGGAAGA ATACGCCTTG ATATTCAGGG TACTGGCCAA 780
30 CGACTGTTCA GCGTTGTCAT CAACCAACTC AGGCTCAGCG ATGCTGGGCA GTATCTCTGC 840
CAGGCTGGGG ATGATTCCAA TAGTAATAAG AAGAATGCTG ACCTCCAAGT GCTAAAGCCC 900
GAGCCCGAGC TGGTTTATGA AGACCTGAGG GGCTCAGTGA CCTTCCACTG TGCCCTGGGC 960
CCTGAGGTGG CAAACGTGGC CAAATTTCTG TGCCGACAGA GCAGTGGGGA AAAGTGTGAC1020
GTGTCGTCA ACACCTGGG GAAGAGGGCC CCAGCCTTG AGGGCAGGAT CCTGCTCAAC1080
35 CCCAGGACA AGGATGGCTC ATTCAGTGTG GTGATCACAG GCCTGAGGAA GGAGGATGCA1140
GGCGCTACC TGTGTGGAGC CCATTGCGAT GGTGAGCTGC AGGAAGGCTC GCCTATCCAG1200
GCCTGGCAAC TCTTCGTCAA TGAGGAGTCC ACGATTCCCC GCAGCCCCAC TGTGGTGAAG1260
GGGGTGGCAG GAGGCTCTGT GGCCGTGCTC TGCCCTTACA ACCGTAAGGA AAGCAAAAGC1320
ATCAAGTACT GGTGTCTCTG GGAAGGGGCC CAGAATGGCC GCTGCCCCCT GCTGGTGGAC1380
40 AGCGAGGGGT GGGTTAAGGC CCGATACGAG GAGCCGCTCT CCCTGCTGGA GGAGCCAGGC1440
AACGGCACCT TCACTGTCAT CCTCAACCAG CTCACCAGCC GGGACGCCGG CTTCTACTGG1500
TGTCGTGACCA ACGGCGATAC TCTCTGGAGG ACCACCGTGG AGATCAAGAT TATCGAAGGA1560
GAACCAAAACC TCAAGGTACC AGGGAATGTC ACGGCTGTGC TGGGAGAGAC TCTCAAGGTC1620
CCCTGTCACT TTCCATGCAA ATTCTCCTCG TACGAGAAAT ACTGGTGCAA GTGGAATAAC1680
45 ACGGGCTGCC AGGCCCTGCC CAGCCAAGAC GAAGGCCCCA GCAAGGCCTT CGTGAAGTGT1740
GACGAGAACA GCCGGCTTGT CTCCCTGACC CTGAACCTGG TGACCAGGGC TGATGAGGGC1800
TGGTACTGGT GTGGAGTGAA GCAGGGCCAC TTCTATGGAG AGACTGCAGC CGTCTATGTG1860
GCAGTTGAAG AGAGGAAGGC AGCGGGGTCC CGCGATGTCA GCCTAGCGAA GGCAGACGCT1920
GCTCCTGATG AGAAGGTGCT AGACTCTGGT TTTCGGGAGA TTGAGAACAA AGCCATTCAG1980
50 GATCCCAGGC TTTTTCGAGA GGAAGAGGCG GTGGCAGATA CAAGAGATCA AGCCGATGGG2040
AGCAGAGCAT CTGTGGATTC CGGCAGCTCT GAGGAACAAG GTGGAAGCTC CAGAGCGCTG2100
GTCTCCACCC TGGTGCCCTT GGGCCTGGTG CTGGCAGTGG GAGCCGTGGC TGTGGGGGTG2160
GCCAGAGCCC GGCACAGGAA GAACGTCGAC CGAGTTTCAA TCAGAAGCTA CAGGACAGAC2220
ATTAGCATGT CAGACTTCGA GAACTCCAGG GAATTTGGAG CCAATGACAA CATGGGAGCC2280
55 TCTTCGATCA CTCAGGAGAC ATCCCTCGGA GGAAGAAGAG AGTTTGTGTC CACCACTGAG2340
AGCACCACAG AGACCAAGA ACCCAAGAAG GCAAAAAGGT CATCCAAGGA GGAAGCCGAG2400
ATGGCCCTACA AAGACTTCCT GCTCCAGTCC AGCACCCTGG CCGCCGAGGC CCAGGACGGC2460
CCCCAGGAAG CCTAGACGGT GTCGCCGCCT GCTCCCTGCA CCCATGACAA TCACCTTCAG2520
AATCATSTCG ATCTGGGGC CCTCAGCTCC TGGGGACCCC ACTCCCTGCT CTAACACCTG2580

```

CCTAGGTTTT TCCTACTGTC CTCAGAGGCG TGCTGGTCCC CTCCTCAGTG ACATCAAAGC2640  
 CTGGCCTAAT TGTTCTTATT GGGGATGAGG GTGGCATGAG GAGGTCCCAC TTGCAACTTC2700  
 TTTCTGTTGA GAGAACCTCA GGTACGGAGA AGAATAGAGG TCCTCATGGG TCCCTTGAAG2760  
 GAAGAGGGAC CAGGGTGGGA GAGCTGATTG CAGAAAGGAG AGACGTGCAG CGCCCCCTCTG2820  
 5 CACCCCTTATC ATGGGATGTC AACAGAATTT TTTCCCTCCA CTCCATCCCT CCCTCCCGTC2880  
 CTTCCTCTCT TCTTCTTTCC TTACCATCAA AAGATGTATT TGAATTCATA CTAGAATTCA2940  
 GGTGCTTTGC TAGATGCTGT GACAGGTATG CCACCAACAC TGCTCACAGC CTTTCTGAGG3000  
 ACACCAAGTGA AAGAAGCCAC AGCTCTTCTT GCGGTATTTA TACTCACTGA GTCTTAACTT3060  
 TTCACCAGGG GTGCTCACCT CTGCCCCCTAT TGGGAGAGGT CATAAAATGT CTCGAGTCCT3120  
 10 AAGGCCTTAG GGGTCATGTA TGATGAGCAT ACACACAGGC ATGAGCCACT GAGCCTGGCC3180  
 CAGAAGCGTT TTTCTCAAAG GCCCTCAGTG AGATAAATTA GATTTGCCAT CTCCTGTCTT3240  
 GGCCACAGGA TCTCTCTACA AGAGCCCCTG CCCCTCTGTT GGAGGCACAG TTTTAGAATA3300  
 AGGAGGAGGA GGGAGAAGAG AAAATGTAAA GGAGGGAGAT CTTTCCCAGG CCGCACCATT3360  
 TCTGTCACTC ACATGGACCC AAGATAAAAG AATGGCCAAA CCCTCACAAAC CCCTGATGTT3420  
 15 TGAAGAGTTC CAAGTTGAAG GGAACAAAG AAGTGTGTTGA TGGTGCCAGA GAGGGGCTGC3480  
 TCTCCAGAAA GCTAAATTT AATTCTTTT TCTCTCTGAG TTCTGTACTT CAACCAGCCT3540  
 ACAAGCTGGC ACTTGCTAAC AAATCAGAAA TATGACAATT AATGATTAAA GACTGTGATT3600  
 GCCACCAAAA AAAAAAAAAA AGACGAAAAG AAAAAGGG 3638

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 604:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2775 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 604

ATAGGTTTGG ACCTTTCTTG GTAGAATTAC TGCCCTAATT TTGTTCCACT GATACTAGAA 60  
 45 ACGGTCTGAT GTTAGAGCTG GAAGGGATCT GTAGTATCAC GCAGTCCGAT TCTCTAATTT 120  
 TCCACATGAG AAAATGAAGG TCCAGAGGAA GCAGAGACTT AACTCACAAA TCAGAAAAGC 180  
 GGTTCCTGCA GAACTGAGGC CATAGTGAGG ACTTTCTGCT TTCCACCATA CCACCTTGCC 240  
 AGTCCACACA AGAGGGGAGGA TGTATTTTGG GGGGCATACA CTGAGGATGG AGAAAGATGG 300  
 CATCAGAACT GCTGGGTGAA GTGGTGGCTT AACTGGACTT TGACAGCTGC CTTTGAATAA 360  
 50 CCCCAAAAC AAACACACTG CATGTAATCA AAAGATGCTT ATACTAATAA TGACCTGTGC 420  
 TGTTCCTCACT CAGTTGCTCT CTGTTTTCGA GAAGACATGA GAAGCTGCAA CATGACCTGG 480  
 AGTGGAACTG GAGAGTCACA TTTTGTGTTT AGCCACCTGC TGGGCAGCAG AGCGACTGCA 540  
 CCTTCCCAGA AGGCTGAAGT GTCGTGTGTC TGCACTCCAG TGGCATCTCT GCAGTGGTCA 600  
 GAGTGACCTG GTATAAGGGA GAGGGCATCA CCTTGCCCCC TGTGCTGACT CCTGCCCTTC 660  
 55 CCCTACAGGA GAGTCCATCC CGATCCGGCT CTTCTGGGCC GGGTATGAGC TCACGCCCAC 720  
 CATGCGGGAC ATCAACAAGA AGTTCTCTGT GCGCTATTAC CTCAACCTGG TGCTGATAGA 780  
 CGAGGAGGAG CGGCGCTACT TCAAGCAGCA GGAAGTGGTG TTGTGGCGGA AGGGTGACAT 840  
 CGTACGGAAG AGCATGTCCC ACCAGCGGCG CATCGCCTCA CAGCGCTTTC AGGGCACCAC 900

CTCCTCTGGGT GAGGTGCGGA CCCCCAGCCA GCTGTCTGAC AACAACTGCA GGCAGTAGGC 960  
 CCCAGGGGCC GAGAAGATGC TGGGCACCCA CCCAGCACCC CCATCTACCA ACACCAGCGG1020  
 CTGGGGGCGG GGGCGGACCT TGTGAGGCTC AGTTGACCCG TTAGTTCGAA CCTGAAAACA1080  
 AATCATGTTT TTGACTTAAA TTCTTTTCTC TGGAGAACCC AAGGGGCTTG GGGTGGGAAG1140  
 5 CAGTCTCTCC TTGGGATTCT GCGGCCGATG TGGGATAGAA GAGGTAGCAT CCTGGAAGCC1200  
 AGCCTCTCTG GGAACATGA GCCCCCTTCC TCGGGGGGCT GCCTTGCGTC TTAGAGGAGG1260  
 GAGAGCAGAG AGCACGCATC CTTGGCTCCT GGCTCTCTGA GCTTCCTGAT ACAGGATCTG1320  
 AGCATGTCCC TGGGATCTTG AGCTGCCAAC AGGGCCCTGG GTAGTCACAT CTTGTACTCC1380  
 CCTTTGCTGT CCCGGAGGTA GTGGCAGGAG TTGGGCCAGC CCCCCTAAG TGGCAGGGGA1440  
 10 AGACTCACGA TTGGGAAGCT ACCTCTTTGG GAATCTTGGA TGTGGTGATC TCAAGTTCCC1500  
 ACAGGCCACC TCCTTCTGGC CACTCACTGC TGGGACCCAG GCACCTCCCT TCTCCATCCT1560  
 CTCGTGGATTG TCAGTAATGT CCTGGAACAG AAGCCTGTAG GATGGCCTTG GGCACGGAGA1620  
 AGCCCTGGGG TCAGTGTCGT GCACGGATGG CGGCAGTGTT GAACCCAGGA GGCTGAACCC1680  
 GGCCCAACCAG GGAAGATGAG TGCATGGCAA CCGCCTGCCT TCACGTGCTT CCACTTGGTA1740  
 15 ACCCCAAGGT CTGGGCTGTT CTAGGTATTG CTTACGTGC CCCAGCAAGC CCTTAACAAG1800  
 AGGCCTGGT TCCCTGAAGA ACCAATCCCA GGAAGGGGCC TTGATCCCTC CGCCTTGCTG1860  
 AGAGTGAACC CTCGTCTCTC CTCACCCTCC ATTTCAATTTC TGGGAATTGG GGCTTAGTTT1920  
 CGAACCTTTG GCAAGCTGT TCTTACTAAT GCCCAAGCCC CTTACCCCT CTCCCTATAG1980  
 GTTACACAGG GGAGACCAGG GCCTCGGCAG AAGACTGCTG CCACACTTCC GAATCATTTCT2040  
 20 GCTTGCCAAA TAGGTCATCT TCACCAAGTTG ACTGACCCAA GTTAGGACC ATTGGTATCG2100  
 TGTGTTTAAA AAACACATAT AAAAAAATC TTGTGAATAT TCTTGTTATG CTAGAGAGGA2160  
 AGGTACTTCT CCCTCTACGG CTCTGCGCTG GGCCTATGG TAGTAAAGTT GTTTACTGTC2220  
 CTTTTCTGCT TTCCCCTGGA AATGACAGGC ATTACTCTCC CATTGGCCTC CCTTCCCTTT2280  
 ATAGAAAGAC CAAGCAGGCC CCACTGGCCA AGAGGTACGG TATTTGGCAG TCTGAGTTCT2340  
 25 CAGTAATTTG GAAAGTTAAG GAGTTGGTTC CTGTGTCACC TTTCAGTTAG TGTGGGAAAG2400  
 GAAGACTTCT GTTTTCTGA GATCAGTGCA GTCTCAGGCC TTTGGCAGGG CTCATGGATC2460  
 AGAGCTGAGA CTGGAGGGAG AGGCATTTCC GGTAGCCTAG GAGGGCGACT GGCGGCAGCA2520  
 GAACCGAGGA AGGCAAGGTT GTTTCCCCCA CGCTGTGTCC TGTGTTTCAAG TGCGACACAC2580  
 AATCCTCATG GGAACAGGAT CACCCATGCG CTGCCCTTGA TGATCAAGGT TGGGGCTTAA2640  
 30 GTGGATAAGG GAGGCAAGTT CTGGGTTTCT TGCCTTTCA GAGCATGAGG TCAGGCTCTG2700  
 TATCCCTCCT TTTCTAGCT GATATTCTAA CTAGAAGCAT TTGTCAAGTT CCCTGTGTGG2760  
 CCCTTCCCC CAGAG 2775

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 605:

35

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 944 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 605

GAAAAGGGGG AGGGGAGTG ACAATCTTTG CTTGGGGCCT ATGACTTCTC CAGCCCCAAG 60

GGGAGATGCC ACCGGGAAAT CCCCCAATGT CCACTAGGGG GCAGGAGGCC ACCGTCTTC120  
 GTACTCCGGA GAACCTGGCT GGAGAGCTCT TTCTTGTTCA CCCTTCCCAC CAGACTAAAA180  
 GGTCATCGCA GATAACGTGA AGGACTGGAG CAAGGTCGTC CTGGCCTATG AGCCTGTGTG240  
 GGCCATTGGT ACTGGCAAGA CTGCAACACC CCAACAGGCC CAGGAAGTAC ACGAGAAGCT300  
 5 CCGAGGATGG CTGAAGTCCA ACGTCTCTGA TGCAGTGGCT CAGAGCACCC GTATCATTTA360  
 TGGAGGCTCT GTGACTGGGG CAACCTGCAA GGAGCTGGCC AGCCAGCCTG ATGTGGATGG420  
 CTTCTTTGTG GGTGGTGCTT CCCTCAAGCC CGAATTCTGT GACATCATCA ATGCCAAACA480  
 ATGAGCCCCA TCCATCTTCC CTACCCTTCC TGCCAAGCCA GGGACTAAGC AGCCAGAAAG540  
 CCCAGTAATC GCCCTTTCCC TGCATATGCT TCTGATGGTG TCATCTGCTC CTTCTGTGG600  
 10 CCTCATCCAA ACTGTATCTT CTTTACTGT TTATATCTTC ACCCTGTAAT GGTGGGACC660  
 AGGCCAATCC CTTCTCCACT TACTATAATG GTTGGAACTA AACGTCACCA AGGTGGCTTC720  
 TCCTTGGCTG AGAGATGGAA GGCGTGGTGG GATTGCTCC TGGGTTCCTT AGGCCCTAGT780  
 GAGGGCAGAA GAGAAACCAT CCTCTCCCTT CTTACACCGT GAGGCCAAGA TCCCCTCAGA840  
 AGGCAGGAGT GCTGCGCTCT CCCATGGTGC CCGTGCCTCT GTGCTGTGTA TGTGAACCAC900  
 15 CCATGTGAGG GAATAAACCT GGCCTAGGA AAAAAAAAAA AAAA 944

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 606:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 20 (A) LÄNGE: 1939 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 606

40 CCAGTCAAGA ATCTCCCACT AAGCTTCAAA GTAGTGGATT ACAGCATGGC AACCATGCCA 60  
 GTAATTTGAA ATTTAGTAGA GAGGCTTTTCG CTTAGTAGAG ATGGGTTTTT GCAGGCTGCT 120  
 CCCGAAGTCC TGACCTCACC CCACCCGCGG CAACCCCCC ATCGGGCCCC CAAAGTGCTG 180  
 GGGTTACAGG CTTAAGCCAC CAAGCCCGGC CGACCTTCTT CTATTTTTC ATTCTCCTTT 240  
 45 CCAAAGCCAT GGCCATGCGC TCCTGTGTAC AGGTGCATAA ACACATCAGT GTGCCATCCC 300  
 TCACATGCAT GTCGTTCCCC ACCCTCCTT CCCAGGGCTT CTCTTGGCTC CAGCGTTCCT 360  
 CTGGGACCCT CTGCAGATAC AGCTGTGCT GGACCCCGAG CCAGGGTGAG GGCTCATTCT 420  
 GCTCTGTCTT CCCCCTGCC TCAGTTTCCC CAAAAGCTG CTTTCACGTC CTTCTAGTAG 480  
 GGGGCCTCCC ATGGGGGCAA GGATCCCCTT TAGGATCAA TCTTCTCTT TTGGGCAGTT 540  
 50 TTGGCTTTGA GTCCCCCAGG GATCAGGGTG AGAATGAAGA AGAGCTCAGT GAGCGGAATG 600  
 ACAGCAGCTG GGTGGGTGGT GTGGGAGAG GCTGAGGGA AGGCAGCTCT AAGACTGGGA 660  
 GTGAGATTCC TGGAGGTGTG GGGAGGGGGG CGTGTTCCTA ATTTAGAAA ATCTCAGCCA 720  
 GCTCGAGCCG AGAGAGAATG CGAAAGAGGA AGTTCCGAAG GAGCGAGGAA TGGGTGGCT 780  
 GGCAGCGGGG GCGGCTCAGT CGCTGTCGCT CTTGTCCACC AGCACGGCGT CCGACTCCTC 840  
 55 GGTGATCTCC AGCAGCGCGT GCACGTCGGG GCTGCTCCCG CGCCGCAGGT CGCCGCCCTC 900  
 CCCCCGCTCC GCGCCGCCCT CGTCGTCGTC GGCGCCACCC TCCACCATCT CGGTGGCCTT 960  
 GAGCACTTCC ACCTGGCCCT CGCGGATCTT CTTGACGTGG AAGGTGAAGG GTGGCACCTT1020  
 GTAGACCGCG GTCTTGAGC GCGGTACAC CACGTGGTCG GCGTGAAGG ATTTGCGCAA1080

CTTGTCCCGC GACGTCTTCA GTTCTCGCG CGCTCGGCG GGCACCAGGC GCGTGCCAG1140  
 CTTGTTTCATG CGCTTCTCCA GGGTGTGCCG CGTCTTCTCC AGGTTTTCCT TGGTCTTGAG1200  
 GCGCGTCTTC TCCAGGTCTC CGCGGGTACG CACCTTGGTC TTCTCCATCT TCTCCTTGGA1260  
 GAAGGCCTTC TTGAAGTCGT CCACGCGCCG CAGGCCCTGC GCTTGATACG CTCTGCGCG1320  
 5 GACTCCTCAA TAACCTCCTC AACCTCCACC GCCTCGTCCG ACGAAAGCTC CAGCGCCGCT1380  
 GCGTCCTCCT CGGGCCGCTC GCCCTCGCCC AGCTCCTCGC CCTCCTTCTC TGGCAGCGCC1440  
 TCCGACTCTT TCAGCGATTT GCTGATGCTC AGTTTGGCCG GCAGCTTCAC TTCATCCTGG1500  
 TAGATCATGA CTTTAAAGTT GCGGCGCCGC AGCAGCTCGG CCTCGTTGAC CTCCAGCTTC1560  
 TTGATCTGCC CCGCCTGGCG CTCCAGGCTG CCGCGCACGG TCTTCACGTT GACGCTGACC1620  
 10 TTGCGCACCT TCTCCAGCAG CTTGCTCACC GTATTGCTCG TGGTGGCGTG CGCCTTGCCC1680  
 AGCTTGCTCA GCTCGCCCTG GATGCTCTGC ACTGCGCCCT CCATCTCCGC CTGCCGCTCC1740  
 TCCAGCTGTG CTTGAGTCAG CTGGATCTGG TCTACGGCCC CGATGATTTT GTCCAGGAGG1800  
 CTCAGCACCA GCACGCCGTT CACCTGGTCC GACTTGATCA GCTCTTCTGA GCCGGCCCCC1860  
 GACGGCTCCT CCGCTGCCTG AGCCCCAGCG GAGGAAGCTC CGGGGCTCG GCGATCGGG1920  
 15 TACCCGGGCA AGCGGCCGC 1939

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 607:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 20 (A) LÄNGE: 1570 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear  
 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 25 hergestellte partielle cDNA  
 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN  
 (iii) ANTI-SENSE: NEIN  
 30 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:  
 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 607

40 GGCACGAGGA AGTTAAGATC ATACATGCGG ATGTGCTGGT AACCTGCAAG AAGCAATCAT 60  
 GCTGCGGTCC GGTGTGACCT CCCAAGGCAT TCACCTGGG AGTCCCTGGT GCTGCACCCC 120  
 AACCCAGGCA GAGCTCATCG TGGGTGACCA GAGCGGGGCT ATCCACATCT GGGACTTGAA 180  
 AACAGACCAC AACGAGCAGC TGATCCCTGA GCCCGAGGTC TCCATCACGT CCGCCACAT 240  
 45 CGATCCCGAC GCCAGCTACA TGGCAGCTGT CAATAGCACC GGAAACTGCT ATGTCTGGAA 300  
 TCTGACGGGG GGCATTGGTG ACGAGGTGAC CCAGCTCATC CCCAAGACTA AGATCCCTGC 360  
 CCACACGCGC CGTACGCCCT GCAGTGTGCG TTGAGCCCCG ACTCCACGCT CCTCGCCACC 420  
 TGCTCGGCCT GATTAAGACG GTGCAAGATC TGGGAAGGAC TCCAACCTTC TCCTGATGA 480  
 CGGAGCTGAA GCATCAAGAG CGGCAACCCC GGGGAAGTCC TCCCGCGGCT TGGATGTGGG 540  
 50 GGCCTGCGCT CTCATCGGGG GACTCCAGT ACATCGTCAC TGCTTCCTCG GACAACCTGG 600  
 CCCGGCTCTG GTGTGTGGAG ACTGGAGAGA TCAAGAGAGA GTACGGCGGC CACCAGAAGG 660  
 CTGTTGTCTG CCTGGCCTTC AATGACAGTG TGCTGGGCTA GCCTGTGACC CCTCGGGACN 720  
 TGCCTGGTGC AGGTGGTGGC AGCNTGGAGG GACCATGCA GCACCCAGGT CAGAGCAGAC 780  
 CCNTNCCCCT NGCCNNGGCT GCGCCANGCT GGNACCTGAT GGCCCCCTGT GCGCCCTTGA 840  
 55 CCTGCTGGGC CAGGCTGNCC CTGGGACTCT CAGCCCCCAN GTTGCTTATC CANGATGTGA 900  
 CAGAGCTCGA CCCAAGCCAG GCTGCACACT CCTGGACNTG GGCTAGCCTG CACTGCCNTG 960  
 GGAAAGNTCN GCCGAGGGCC CANAAGCTGC TGAGGGGTNC TGAGGCTGGT GCCCACCCCC1020  
 AAGCTAGTGT GTTCTCTGCC CCTCCCTGCC CGCGTTTCAG GGCCTCGGTC CATAGAGAAC1080

ACCACCACCA TGGCCAGGTG GAAGGGTTTA TTAGTCCCTG CCAGCAGCTG TCCTCCCTGG1140  
 TGCAGGTGGC CTGGCCAGCC CACTGGATTG GGGACGGGCC AGGCTGGGCC AGGTCCGGGG1200  
 CTCAGTCTGG GAGGTAATAA AAGCAGACCG ACACGCAGAT GTTGCTCGGG AAAAAAAAAA1260  
 AAAAAAAAAA AAAAAAAGC CGCTGTCTCC GGGGCCCTC TGCTCGCCGG GCCCAGTAGA1320  
 5 TGGGGGTCTT CATGCACAGG CGCTGCACCA AAGCCCCCGC CTGGGCGGTA GCCACTTACG1380  
 AGGCTCCCTT GCACTGCCAG CAGCTCCTGG GTGTGGTGGG TGTCTGGCT GGGGACCAA1440  
 GCCTCTTGGA CCTTGGAGGT ATCCACCAGC AGCCGCAGGT CTCCCGATCA CTGTCTCTCA1500  
 TCAGGCGGAG GAAGCAGACC TGGTCTCCT CAGGGCGGTA ACAGATGCAG CCGCTCTGCC1560  
 CGTCGAACAG 1570

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 608:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1768 Basenpaare

15

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 608

35 GCACAATCCC GGCTCACTGC AACCTCCAAC TCCTGGGTTC AAGCGATTCT CCCGTCTCTA 60  
 CAAAGTATAC AAAAAAATTA GCCAGGCATG GTGGTGCGTG CCTGTAATCC CAGCTACTTG 120  
 GGAGGCTGGG GCACAGGAAT CCTTTGAAT TGGGAGGCAG AGGTTGCAGT GAGCTGAAAT 180  
 CACACTACTG CCCCCAGCC TGGGCAACAG AGCAAGACTC TGTCTCGAAA AAAAAAAG 240  
 AAAACAATGA AGGAAAAGGA GGGTGAGTTA GCTGGAGTAG AATAGAGGTA TAGAATCGTT 300  
 40 CCTAAATAAC CGGCTGCATT GGTTCCTGG AACTTGTCTA AAAACCCAGA TTCCCAGGCC 360  
 CCCTTCTTG GTGCTCCTAA TTCAGTAGCA TCACAGTAGG GTTCCAGAAG CGGTATTTT 420  
 AACAAGCTCC CAGGTAATTC TGATGTGCAC CTAGATTGG AAATCACTGT GTTAAAAAT 480  
 ATTGTGAGGT AAGTTGGTCA GTTAGGTTGG GCAGCTTTTA TTTCATTGCT AAGGGATTG 540  
 GACTTGATGG TGTAATAAAG CATTAAATGA ACAAATATTT ATGGAGCCTG TACTATGTAC 600  
 45 CAGATGCAGA CTGTGCTAGC GGTGGGGAT ACAGTGATGA CTTGGTCTGC CTCTAGGTGG 660  
 CAGGGAGCCA TTTTGGGTT TCGAACAGAA AAGTGACATA ATGAATGCTG AGTTCCTAGG 720  
 AAGATTAATC CAGGAGTAGT CTCCAGGATG TACTGGAAGG AGAGAAGCTG AAACCAGGGA 780  
 GGCTGCTGTG TTTGCAGTTG GCTGCCAGT GCTACCTCTG CAGAGACAA CAATGTCTG 840  
 AAGGTAGCTG GTATGTCTGT GTGCACTGAC ACGAGCCTTC CTACCAAGCC CCAGGGGCTC 900  
 50 CATGCTGGAG AATGCACGTA GGGCTAGGGT GAGCACTAAC TTCACTTCAG GAGAGCAAGG 960  
 AACAGTGTGG CTCTTCCATT TTTCACTTCT GTAAGCACAT CACCCCTTTT TCCTCCCTT1020  
 GAGCTGTGTT CTCTGACAGC TGTTTGTGG TAAAGCCAGC AGCCCTTAAA GCACGTCCCA1080  
 GCCTTGCTCT CTCTGTGCTT TCCCCACCA CTGCTGCTGC ACGCCTCATT TGCTGGGCCA1140  
 CTTTAGTGGT GGAACCATTA GAGGCTGAGT GACTTAAAGG AGATTGAGTC TGTCTCGACC1200  
 55 CCGAGAGAGA GTGGGATGGA TGGATGCATC GTCTCATTTA GAAAGTGTTG CCTCTGACTC1260  
 TAACACACTC TTCTCTCTTT CTTTACCGCC CTCCTGTGT GCGTCCCTGG GGGGGCGTGG1320  
 GCTAAACCCC TTCCGTCCCC CTTTCTCCTT CTCTCTCACA GTGTAGGCAC CACTTCTCTT1380  
 ACAATTTAGG CTTTCTCTCT GCCTTGGGCT GAGTGAGGAA GAGGAGTGCT GTTCTGCCT1440

TCCTAGCCCA GCTGGGTCTG ACCAGAGGCT ACTGTGTACC CATTACCAT GCGTGATTGT1500  
 TAACCTCAGAG TGGGGTGTAG CCAGGTATTG ACTGAATGTA TGTTCTTGCT GACCTGTGTT1560  
 TTTTCTGTA GGGACCAAAG CAGTATCCTT ACAATAATCT GTACCTGGAA CGAGGCGGTG1620  
 ATCCCTCCAA AGAACCAGAG CGGGTGGTTC ACTATGAGAT CTGAGGAGGC TTCGTGGGCT1680  
 5 TTTGGGTCCT CTAAC TAGGA CTCCCTCATT CCTAGAAATT TAACCTTAAT GAAATCCCTA1740  
 ATAAACTCA GTGCTGTGTT AAAAAAAA 1768

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 609:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1001 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 609

TAAGGAGACT GAAAGGTGAT TCATTTAGTG AGTAGCGATT ACAGAATTTC TAAAACAGTG 60  
 GGGGCGGGGG GGGCGGCGGG GAGGAGGGCT GGAATTGTCC TCCAGCGCAT ACAAGGTTGT 120  
 TGCTGCCAGA GAAATCCAGC AGGAAAGAGC AGCATTCTTT CACCTTTTCC GCCTCTGAAG 180  
 35 CGGAGGAGAA CTTCATTTC CAGCAGCCCT TAAGATTCCCT CCGCGCACTG CGTAGCGTCT 240  
 CCGGCATTCT GCTTTCGGGC GCTCTGCCTT CCGGTGCGTC GTTTACGGCC AGTTTGAACC 300  
 AAAGACGCCC AANGGTTGAG GCCGAGNTTC CAGAGCATGG GGTCTCGGTT GTCCAGCCT 360  
 TTTGAGTCCT ATATCACTGC GCCTCCCGGT ACCGCCGCCG CGCCCGCCAA ACCTGCGNCC 420  
 CCCAGCTACA CCCGGAGCGC CGACCTNCCC CNAGCAGAAC ACCGCCTNGT TGAAGANCCT 480  
 40 GCTGGAGCTG TCGNCGTNGC TTTCTGGGTT GGGGCTGATG GGGGNNCGGG CGGGTACGTG 540  
 TACNTGGGTG GCANCGGAAG CCCATGAAGA TNGGGATACC CCCCAGTNC CATGGACCNA 600  
 TTACNGCAGA TGGTCATCGN NGCCTCANGC NATTGCCACC TNGGGGTANT CGTTGTNCAT 660  
 NGGCAGACCC CAAAGGGAAN GGCCTANCCG CGTTGTTTNG AAAGNTACCA CCANGTGAAT 720  
 NCTGTCTTCT GTCTNCTNGT CCCNTTTNCC CCGTGACACA CAGAGCAGGC ATGGAATTTA 780  
 45 ATGGGNTGTT CTGGNACNAG ACACCTGTAC ATGGACAGAC ATCACTACTN NGTGGATACT 840  
 NNACAAGACT GAAAAGNAAA ATCGTATGTT GTCATTCTNTC TGGCTANTGG AGTGTTTGTG 900  
 GCCTTCACAG ATTTACAGG AACCAATAAA TCCCTCAGAG AAGTAAAAAA NAAAAAAA 960  
 AAAAAAAA AAAAAAAA AAAAAAAA AAAAAAAA A 1001

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 610:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2515 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 55 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 610

```

GGTGTGGAAA CTACTGCAAA TAGTAGCACT TCACTGAGAT CTACAACTCT TGAAAAAGAA 60
GTTCCCTGTCA TCTTCATCCA CCCTTTAAAC ACTGGATTAT TCCGGATAAA AATTCAAGGA 120
20 GCCACTGGAA AATTTAATAT GGTCAATCCCT CTTGTGGATG GGATGATTGT CAGCAGGCGA 180
GCTCTTGGCT TTCTGGTGAG GCAGACTGTA ATTAACATTT GTAGAAGAAA GAGACTGGAA 240
AGTGACTCCT ACAGTCCCCC CATGTCCGCC GGAAACAGAA AATCACCAGC ATTGTCAACA 300
AGTACCGGAA CAAGCAGCTG GAGCCAGAGT TTTATACTTC ACTTTTCCAG GAGGTGGAC 360
TCAAGAACTG CAGTTCTTAG ACCACTGAAT TTCTAAGACT GTTGAAGTCC AGTTGGGAA 420
25 CTATAACACA GCAGAACAGT TTGATAGGTG ATCACTGTAA AAATAAAAAC AAATCACTCC 480
CAAGAGCTTA CTGTTTAATC ACCAGAATAG AAGAAACACA TTATAACCCA TTTGATAGAA 540
GACTTTGGGC TATCTAGTGA AATGGGCTCC CAGACACAAT CATACTCCTG CTGATAATGA 600
TGATATACAT TTTAGCCATA AACTTTCTTT TAAAAGTGAC AATTTTAGTT AAACATAAGC 660
CTTTTGAGGA GAAAGGCTTT TATGCATCTC AGTTAAACAC GTGCATTGGT AGTATCAACA 720
30 AATTTGCAAT ATAGAAGTTG AAGATAGTTT TTTNCCTCAC TTTTAGGAG GCTGTATTCA 780
AAATTAATAA CTCAGAATCT TACAGGACAT TTAAGGACT CATGTTGATA GCATGGAGGA 840
GAAGGAAAGA AGTCACAGCC TTCTACTCAG TTGTAGGTCT TCTTGTCATC CAGCTGTCAC 900
ACTGACAAA AGAAAAGATG ATANCATGTT TTTTGTCTCA GATAAGAAGC CTGACATTAA 960
AAGATGTCAT ATTTTCTTCT CCACATTTC AAGAGTTGTC CTTCTCATCA CTGCACAGAT1020
35 CTGTCTGAAA GCCTCAGTTT CTGAGTGACC CAGGAACAGA TCAGAAATGG AGCATGGCCT1080
TGTCCTTTAA TGGGGATGCA AATAAGTTT GTGGGGTTAA AAGTTATAAG ACAGCAGTGA1140
TACCCCACTC TCTCCATTAT TGTCCAGCGG GGTGACATAA TGACAGGTTA AATATTTGTG1200
ATTCATTGAT TAAATATTAT TTAAAGAAAT GTAAAAAATA AAAAAAGGTT GAAAATTATT1260
TGGTTTCATC CATTGTCTCT TATTTTCAGGA CCAAGCAGCA AACTGCAGTA GTTTGTGAAG1320
40 GATTCTAATA TGGGGTTCAG GAATAGCCTC TCAACGCTAC TAATTCAGAT CTCTCCAGA1380
GAACACTTGG ATTTCTCAT AATTGACAAA CATGAGTGAC CACCTCTTGG GGTGGCTACT1440
GTTAGAAATG GCTGTTGTCA TGTCTTCTGG ACTTTGCCAG CCAACAGATC CCTGCCAGGT1500
TTTGGAATAA CTTCTATTAC CTCGCTGCTA CTTTTCTGCA GGGATAAAAC TTTTGNAGGT1560
GGCCAGACCC AGAATATCCA AGGATTCCTG TTACAGTGCT ACAGTATACA CTGCTCATTT1620
45 ATCCTATTCT CATGTGCTTT CTCTTTTAGT AAGATTATTT TAAGAAAATA AGTGATATTT1680
AAAGTCCAAA GAGGAATGAT CACAGTTGTA TAAGGGGTGT TTTCCACTT GAACTCTGAT1740
GTCAGTCGAC TGTGGGTGAG AGCTACAACC ATCTGTTTGG TTTGATGTTT TGGTGGTTTA1800
CTTACGGAGT GGGGATAGTG TGAGACCTAA TTCCCTGTGC AAATGTCTCT TATCCAGAA1860
ATGTGCATT TGTCTCTAT AAGCAAGAAA TATGGGCATA GCAGCTCTTG GTTTAAANGT1920
50 TTGCCATAAC CTGTTTATGT TTGTTTTAAG CTCAGGTAAA GATAACCTCC NTCTTTCTAT1980
GACTCCAGTT TCCATTCAGG TTATAGTATT ATTCAATAGT TGATTTTCTT TTTAAGCTNG2040
GGCAATAAAT TGATGTTTCC AGATGGTAAC ATGGGANGAG GGCATATAGG ATAAAGATNG2100
AGCAAATTCT ACCCTAAAAA TGNCTTAGT AGTTTACAGG AAGAAGATGA GGTTTAATAA2160
CTTTCAAGGT AATTCTAGAT TGACATTTTN GAGGGGAAAA TGGGCTCTTG TTCTAGTTGA2220
55 AGTGAGCAGA GAANGCTAT NAAATTAATA TGTAANCTTA CAGCATTCCTA GAGGTTAAAA2280
ATAACTGATG CAGATGTACT TCTTCAGTGT GATTCTTCAG ATCAAACCTT TACTTTTGGC2340
ATAGTTAATT TCAGAAAAAT GTGCTGTATG TGTGTGTGTA TGAGGGTTGG TCTTGCTGAT2400
CCTTCAGTTA GCTCTAAATT CTGGCAATC CTTGTAAATC CCATGTATTT GATACCATGA2460
ACCAATCATG TTGAATGCGT TTGGTGATCT GGGGAGCCTC CCCCGTCTTC CCAGG 2515

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 611:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 5 (A) LÄNGE: 818 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 611

25 TTTTTTTTTT ATTTAAAGCC TGGATTGTAA CCAGATTTTC TTTTTTCCCC CTTCTCAGCT 60  
 GTAGATATGA TATCTCCTTT CAGGGCCCCA GCTTAAGGGC AAAGTGAGTT AATGTGTAGA120  
 CAAAGGCGAG GGACAAGAGA GAGTTAACAT CTAGACAGTG GAAAAAGCCA TGGTGTGTGG180  
 TTTCTGGGAA CCACCAACAC TTGCAGGTTT AGCTTTTTC CAGGGTTGAC TACAAGAAAG240  
 30 AAAACCATGT TTTTGCAAGA TTTAAATGTG GTTGAGTGTG CCTAAATTAA CCATCCCCAT300  
 TTTTATCATA TTTCCACCAT CACTTCAGGG TTTTAAGAGT CAGTGCTCAC CTGGGCGGAG360  
 CTGGTAGTAC ATTTTGCTTC TTAGAAAGCT AAGTCCTGGG TTCCGTCTGA TTTTAGGTTT420  
 CAGGAACCTC CTGAGAACAC CCGATCGCAG AGGGTAATTT TCTGGAGTTT GTTTTGAGG480  
 GATAGCTGGG AGTATGGCCA CCCTGCTCCA CGATGCGGTA ATGAATCCAG CAGAAGTGGT540  
 35 GAAGCAGCGC TTGCAGATGT ACAACTCGCA GCACCGGTCA GCAATCAGCT GCATCCGGAC600  
 GGTGTGGAGG ACCGAGGGGT TGGGGGCCCT CTACCGGAGC TACACCACGC CAGCTGACCA660  
 TGAACATCCC CTTCCAGTCC ATCCACTTCA TCACCTATGA GTTCCTGCAG GAGCAGGTCA720  
 ACCCCCACCG GACCTACAAC CCGCAGTCCC ACATCATCTC AGGCGGGCTG GCCGGGGCCC780  
 TTGCCGCGGC GCGGAGGGGC CCCCTGGACG TTTTAAGA 818

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 612:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 45 (A) LÄNGE: 1024 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 50 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 612

10

```

GCGGTCGGTA GTGCGGCGCT GTTTAAAGAT GGCGGCGGAG GAACCTCAGC AGCAGAAGCA 60
GGAGCCCGTG GGCAGCGACT CCGAAGTGTT AACTGTCTGG CCTATGATGA AGCCATCATG 120
GCTCAGCAGG ACCGAATTCA GCAAGAGATT GCTGTGCAGA ACCCTCTGGT GTCAGAGCGG 180
CTGGAGCTCT CGGTCTTATA CAAGGAGTAT GCTGAAGATG ACAACATCTA TCAACAGAAG 240
15 ATCAAGGACC TCCACAAAAA GACTCGTAC ATCCGCAAGA CCAGGCCTGA CGGCAACTGT 300
TTCTATCGGG CTTTCGGATT CTCCCACTTG GAGGCACTGC TGGATGACAG CAAGGAGTTG 360
CAGCGGTTCA AGGCTGTGTC TGCCAAGAGC AAGGAAGACC TGGTGTCCCA GGGCTTCACT 420
GAATTCACAA TTGAGGATT CCACAACACG TTCATGGACC TGATTGAGCA GGTGGAGAAG 480
CAGACCTCTG TCGCCGACCT GCTGGCCTCC TTCAATGACC AGAGCACCTC CGACTACCTT 540
20 GTGCTCTACC TCGGCTGCT CACCTCGGGC TACCTGCAGC GCGAGAGCAA GTTCTTCGAG 600
CACTTCATCG AGGGTGGACG GACTGTCAAG GAGTTCTGCC AGCAGGAGGT GGAGCCCATG 660
TGCAAGGAGA GCGACCACAT CCACATCATT GCGCTGGCCC AGGCCCTCAG CGTGTCCATC 720
CAGGTGGAGT ACATGGACCG CGGCAGGGC GGCACCACCA ATCCGCACAT CTTCCTGAG 780
GGTCCGAGC CCAAGGTCTA CCTTCTTAC CGGCCTGGAC ACTACGATAT CCTCTACAAA 840
25 TAGGGCTGGC TCCAGCCCGC TGCTGCCCTG CTGCCCCCT CTGCCAGGCG CTAGACATGT 900
ACAGAGGTTT TTCTGTGGTT GTAAATGGTC CTATTTTACC CCCTTCTTCC TGTCACATGA 960
CCCCCCCCCA TGTTTTATTA AAGGGGGTGC TGGTGGTGAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 1020
AAAA
1024

```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 613:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1322 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 613

```

GCTGACCACG ACATGTGTCT CCTCCTCTGC ACCTTCCAAG ACCTCCTTAA TAATGAACCC 60
55 ACATGCCTCT ACCAATGGAC AGCTCTCAGT CCACACTCCC AAAAGGGAAA GTTTGTCCCA 120
TGAGGAGCAC CCCCATAGCC ATCCTCTCTA TGGACATGGT GTATGCAAGT GGCCAGGCTG 180

```

```

TGAAGCAGTG TGCGAAGATT TCCAATCATT TCTAAAACAT CTCAACAGTG AGCATGCGCT 240
GGACGATAGA AGTACAGCCC AATGTAGAGT ACAAATGCAG GTTGACAGC AGTTAGAGCT 300
ACAGCTTGCA AAAGACAAAG AGCGCCTGCA AGCCATGATG ACCCACCTGC ATGTGAAGTC 360
TACAGAACCC AAAGCCGCCC CTCAGCCCTT GAATCTGGTA TCAAGTGTCA CTCTCTCAA 420
5 GTCCGCATCG GAGGCTTCTC CACAGAGCTT ACCTCATACT CCAACGACCC CAACCGCCCC 480
CTGACTCCC GTCACCCAAG GCCCTCTGT CATCACAACC ACCAGCATGC ACACGGTGGG 540
ACCCATCCGC AGGCGGTACT CAGACAAATA CAACGTGCCC ATTCGTCAG CAGATATTGC 600
GCAGAACCAG GAATTTTATA AGAACGCAGA AGTTAGACCA CCATTTACAT ATGCATCTTT 660
AATTAGGCAG GCCATTCTCG AATCTCCAGA AAAGCAGCTA AACTAAATG AGATCTATAA 720
10 CTGGTTCACA CGAATGTTTG CTTACTTCCG ACGCAACGCG GCCACGTGGA AGAATGCAGT 780
GCGTCATAAT CTTAGTCTTC ACAAGTGTTC TGTGCGAGTA GAAAACGTTA AAGGGGAGT 840
ATGGACAGTG GATGAAGTAG AATTCCAAAA ACGAAGGCCA CAAAAGATCA GTGGTAACCC 900
TTCCCTTATT AAAACATGC AGAGCAGCCA CGCCTACTGC ACACCTCTCA ATGCAGCTTT 960
ACAGGCTTCA ATGGCTGAGA ATAGTATACC TCTATACACT ACCGCTTCCA TGGGAAATCC 1020
15 CACTCTGGGC AACTTAGCCA GCGCAATACG GGAAGAGCTG AACGGGGCAA TGGAGCATAC 1080
CAACAGCAAC GAGAGTGACA GCAGTCCAGG CAGATCTCCT ATGCAAGCCG TGCATCTGT 1140
ACACGTCAA GAAGAGCCCC TCATCCAGA GGAAGCTGAA GGGCCCTGT CTTAGTGAC 1200
AACAGCCAAC CACAGTCCAG ATTTTGACCA TGACAGAGAT TACGAAGATG AACCAGTAAA 1260
CGAGGACATG GAGTGACTAT CGGGCGGGC CAACCCGAG AATGAAGATT GGAAGGA 1320
20 AA 1322

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 614:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 25 (A) LÄNGE: 4458 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 614

```

45 GCCGGCGGTT AACAAAGGGA GCCGATACCG ACCGGCGTGG GCGCGGAGCG GGCGGCCGCC 60
ACCGAGCGTG CTGAGCAACC GCAGCCTCCG CGGCCGAGAG TGCAGCGAGC AAGGGGACAA 120
AAAGTTCCGC AAAGCCCGCA CAACCAGCAC CACAGAGAGA AGGGAAGAAC GGCATCCAGC 180
CCACCAGAAA TGGACCGACA CACCTCAGCA TCTCCAAACC CCGCAGCACA CGTGACCATA 240
50 AACCAGCAAA GATGAGTTT GATCATCTTG AGAAAAATGG GCCTTGGCCT GCAGACCCAA 300
TAAACCTTCC CTCCCATGGA TAATAGTGCT AATTCCTGAG GACCTGAAGG GCCTGCCGCC 360
CCTGGGGGAT TAGCCAGAAG CAGGCTTGTT TTCCTGCTCA GAACAAAGTG ACTTCCCTGA 420
ACACATCTTC ATTATGATTC ACACCAACCT GAAGAAAAAG TTCAGCTGCT GCGTCCTGGT 480
CTTTCTTCTG TTTGCAGTCA TCTGTGTGTG GAAGGAAAAG AAGAAAGGGA GTTACTATGA 540
55 TTCCTTTAAA TTGCAACCA AGGAATTCCA GGTGTTAAAG AGTCTGGGGA AATTGGCCAT 600
GGGGTCTGAT TCCAGTCTG TATCCTCAAG CAGCACCCAG GACCCCCACA GGGGCCGCCA 660
GACCCTCGGC AGTCTCAGAG GCCTAGCCAA GGCCAAACCA GAGGCCTCCT TCCAGGTGTG 720
GAACAAGGAC AGCTCTTCCA AAAACCTTAT CCCTAGGCTG CAAAAGATCT GGAAGAATTA 780

```

CCTAAGCATG AACAAAGTACA AAGTGTCTTA CAAGGGGCCA GGACCAGGCA TCAAGTTCAG 840  
 TGCAGAGGCC CTGCGCTGCC ACCTCCGGGA CCATGTGAAT GTATCCATGG TAGAGGTCAC 900  
 AGATTTTCCC TTCAATACCT CTGAATGGGA GGGTTATCTG CCCAAGGAGA GCATTAGGAC 960  
 CAAGGCTGGG CCTTGGGGCA GGTGTGCTGT TGTGTCTGCA GCGGGATCTC TGAAGTCCTC1020  
 5 CCAACTAGGC AGAGAAATCG ATGATCATGA CGCAGTCCCTG AGGTTTAATG GGGCACCAC1080  
 AGCCAACTTC CAACAAGATG TGGGCACAAA AACTACCATT CGCCTGATGA ACTCTCAGTT1140  
 GGTTACCACA GAGAAGCGCT TCCTCAAAGA CAGTTTGTAC AATGAAGGAA TCCTAATTGT1200  
 ATGGGACCCA TCTGTATACC ACTCAGATAT CCCAAAGTGG TACCAGAATC CGGATTATAA1260  
 TTTCTTTAAC AACTACAAGA CTTATCGTAA GGTGCACCCC AATCAGCCCT TTTACATCCT1320  
 10 CAAGCCCCAG ATGCCTTGGG AGCTATGGGA CATTCTTCAA GAAATCTCCC CAGAAGAGAT1380  
 TCAGCCAAAC CCCCCATCCT CTGGGATGCT TGGTATCATC ATCATGATGA CGCTGTGTGA1440  
 CCAGGTGGAT ATTTATGAGT CCCTCCCATC CAAGCGCAAG ACTGACGTGT GCTACTACTA1500  
 CCAGCATGTC CTCGATAGTG CCTGCACGAT GGGTGCCCTAC CACCCGCTGC TCTATGAGAA1560  
 GAATTTGGTG AAGCATCTCA ACCAGGGCAC AGATGAGGAC ATCTACCTGC TTGAAAAGC1620  
 15 CACACTGCCT GGCTTCCGGA CCATTCACTG CTAAGCACAG GCTCCTCACT CTTCTCCATC1680  
 AGGCATTAAA TGAATGGTCT CTTGGCCACC CCAGCCTGGG AAGAACATTT TCCTGAACAA1740  
 TTTCTTTTAC TCCTTTTAC TCTAGGGGCC TGTGTGACGA AGACCATGGG GACTTCAAGA1800  
 GCCTGTGGTC AGGAAATCAG GTCCAGCCTT CCCTGTAGCC AGACAGTTTA TGAGCCCAGA1860  
 GCCTCCTGCC ACACACATGC ACACATATCT AGCATTCTTT CCAGACAGCA TCCTCCCCGC1920  
 20 CTCCACCTT GGTAGATGCA AGGTCTATCT CCCCCATCAG GGCTGCCAAA GCTGGGCTTT1980  
 GTTTTCTTCA TCAGAAATGAT GCCAATCTCA CAAACCAATG CTCTATATTG CTTNGAAGCA2040  
 TGCATCTAAA TATTGATTTC ACGNTTTTAA AGNAAATCT NNCTTAAATT ACAATTGTGC2100  
 CCAATGCAGG GTGGNCTCTN NGGGGGGCAA GTAGGTGGTA CAGGGGATTG GAAACATCCT2160  
 CCGCGCCTCC AGAGAAAAGT TGCTCCCGAG GTCCATGCCC CTGGAACGTG TTCCTATCAC2220  
 25 TCTGGCTGGT TGGGCTGGTC CTTAGACTGG GTGCTTATGA TTAAGGGGT CTTGGTTAAG2280  
 CCCACTTTCC CTTCCATGT GGAGATGGAA GGTAGAGAAG GATACAGTGT CTATCCTCAA2340  
 GTTGCTACGG TTCAGTGAGA GAGGCAGACA TCTGAACAGG NCAGGTAGGA TTCAGTGTGC2400  
 TCAGTGCACCT GGGGATTTGG AGAGAGATGG GCTTGCTCTC TCTGTGCACC CAGGAGGGCC2460  
 ACGCACTTAA AACTGTGTTT GTGGATCAGA GAAGGCTTTA TAGCACAGGG GGCATTGAGA2520  
 30 TGATCTTAG AGGAAGAGAA GAAACATGGC AAGCAGATTA CATCTGAGCC GTTTGAATTG2580  
 TGTTTTCTT TCTTCCATG TTTATTTTCT AAGATCTACC TGAACCTAGN AGACTCAAGA2640  
 TATTTTTTTA GGAAACCTCC TACCCATGTC TGAGGTAGCA AGTGCAGCCT CACGACAGAT2700  
 ACCAGGCAAT CCAGAGCCAC AAAACGTGAT TCCTCCAGGC TCTGCCTGGC CTGACCCTGT2760  
 CCTGTACAGT CGGTTTACAT ACCAGTCCCA TTCTTCTTT TCAATACCTA CCCCCAATC2820  
 35 TTCTCCTAAC CACCATCTGT TTTTTTTTAG TTAAAGCATT TTTTGCTTTA AAAGCATCCT2880  
 GACCCCAATT TCTTTGAGCT CACGGGCCCT TTGCTGAAGG TCTCTCAGGG TGTAGTGGTG2940  
 TGGCTCTCTG GACTTAACGT CACTCTCAGN AGGTGAGAAC CTTNGGAGAT CAGAACTGAT3000  
 TCTCACCAGG GTGTAGAGGT GTGGNTANGC AGATTGCAAT GCTCTGCACC TCTTNGCTG3060  
 CAAGTGAGNC AACTTNCAGG NCTCTCTGGG NCAGAGGCTG GCCCACTGTA GTTTGCAGAC3120  
 40 ATGCTCTCCA GATGGNTTTT ACTAAGTCCC CTCTCCCTGN ATANGGGAAT CCTGNCTGGN3180  
 ACCAGCGCAN GCCCTNNGGT GTNGGANNGA GGTNAAAAG ACTTGNCACA GGNATCACCA3240  
 AGTNCATGCT GNTAGANGCC AGGATTCCCTA GACCCAGGGC TCTGCACTCT CAAGGCTGGC3300  
 CCCATGTGCT CAAGGGGGTC TAATGTTTGG GCTCCAAACT AACCATCTCG GAGCTGGGCT3360  
 CCTCATTTAC TGCCAAACCC TCAGNCTTAT GTAGCNTAGA AAGGGCCCTG GANGTGNAGA3420  
 45 AAGCCTGGAT TTTCAAATTG ATGCTCCCCT ACTNGACTAG NCTGTGCCAC TCNTGGGCAA3480  
 ATGCTCTTCC TTGAGCCTGT TTCCACACCT GTAAAGTGGG GATGATGATC CTATCTCACT3540  
 GCTTTTNGTG NAGGATTACA GGNAAAGCA CCTGTCTGG CTCTGTACCT GGCACGTAGT3600  
 ANGGTGCTCA GTTCATGCTG GTTTCCTTCC TGCCTTTATG AGGGACCTGC TCTGTGCTCA3660  
 CACCTCGGCT GCATGCACCC TGCTGTGACG GAGGCTAGTG TGGAAGAGGT CCTGTCTCA3720  
 50 GGGAAATTAAC TGTCTTATTG GGAGACAACA ACTGTCCTCC TTGGAACACC CAAGAAACCA3780  
 TGNCAAAGCA CTGGACAACA CAGAACACGN CCCTCCTCCT CGCTGCCTGC AGCTNCCAAT3840  
 CTGATTCTGC TTGGGAATGG GCGGANCACG NTGGGCTGCT TAACTGCTGT ATAGGACAAG3900  
 CCCCTTACCC CTCTCTGGGC CCATGAATTC CTGGCTTGGT TTATGTTCTG ATTTGACACA3960  
 CTGATTTTAA TCTTCGAATC ATGACACTGA GTGCAGAGGA GGTGGCATTG CGACAGCAGG4020  
 55 ACATACATGT TNGGTGTGAA GACTGGGACG ACACTGGGTA GAATCTAGTT TTTAATTATT4080  
 ATTAATATAA AGGATCAAAT TAATTTAAAT ATGAATCTGA AGTCCACAGA ACTTTNNNNN4140  
 AAGTGTGTC CAGGCCAACA CTTTGGTAAA ATGCAAATTA TGATATGGAC GTTATCATTG4200  
 GTCTGGTGAG ATGTTTCATA TTTGTGACAG TTAATTTAAA AATTATGACT TAATGCTGCC4260  
 TGTGTCTATG GGGTTCTGTC TTCTTTGATA GCCATCTATT CATCTGGATC ATGGGACCT4320  
 60 CTCTAATCCT TCCACCAATC AAATAAGCTA TTGCTATTGG TTTGGAGTTG AGATATCAGT4380  
 CTCGGAAACT TCTGAAAAAT GCTAATAATT ACCCAAGGAT TATGTCAAAT TTTAAATAAA4440  
 ATGTGTGTGT GTTTCTTT

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 615:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1562 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 615

```

25 TGGAGGCAGC TAGCGCGAGG GTGGGGAGCG CTGAGCCGCG CGTCGTGCCC TGCCTGCCCC 60
 AGACTAGCGA ACAATACAGT CAGGATGGCT AAAGGTGACC CCAAGAAACC AAAGGGCAAG 120
 ATGTCCGCTT ATGCCTTCTT TGTGCAGACA TGCAGAGAAG AACATAAGAA GAAAAACCCA 180
 GAGGTCCCTG TCAATTTTGC GGAATTTTCC AAGAAGTGCT CTGAGAGGTG GAAGACGATG 240
 TCCGGGAAAG AGAAATCTAA ATTTGATGAA ATGGCAAAGG CAGATAAAGT GCGCTATGAT 300
30 CGGGAAATGA AGGATTATGG ACCAGCTAAG GGAGGCAAGA AGAAGAAGGA TCCTAATGCT 360
 CCCAAAAGGC CACCGTCTGG ATTCTTCTCG TTCTGTTTCTAG AATTCGCCCC CAAGATCAAA 420
 TCCACAAACC CCGGCATCTC TATTGGAGAC GTGGCAAAAA AGCTGGGTGA GATGTGGAAT 480
 AACTTAAATG ACAGTGAAAA GCAGCCTTAC ATCACTAAGA CGGCAAAGCT GAAGGAGAAG 540
 TACGAGAAGG ATGTTGCTGA CTATAAGTCG AAAGGAAAGT TTGATGGTGC AAAGGGTCCT 600
35 GCTAAAGTTG CCCGGAAGAA GGTGGAAGAG GAAGATGAAG AAGACGGGGG GGGGGGGGGG 660
 GGGGGGGGGG GGGGGACGTA TAGTCGGGTC GGCTGGTGGA GTAGCCCAAA AGAAGGGGAG 720
 CGCCGTAATT GACACATCTC TTATTTGAGA AGTGTCTGTT GCCCTCATTG GGTTTAATTA 780
 CAAAATTTGA TCACGATCAT ATTGTAGTCT CTCAAAGTGC TCTAGAAATT GTCAGTGGTT 840
 TACATGAAGT GGCCATGGGT GTCTGGAGCA CCCTGAAACT GTATCAAAGT TGTACATATT 900
40 TCCAAACATT TTTAAATGA AAAGGCACTC TCGTGTCTCT CTTACTCTGT GCACTTTGCT 960
 GTTGGTGTGA CAAGGCATTT AAAGATGTTT CTGGCATTTT CTTTTTATTT GTAAGGTGGT1020
 GGTAACATATG GTTATTGGCT AGAAATCCTG AGTTTTCAAC TGTATATATC TATAGTTTGT1080
 AAAAAGAACA AAACAACCGA GACAAACCCT TGATGCTCCT TGCTCGGCGT TGAGGCTGTG1140
 GGGAGATGCT CTTTTGGGAG AGGCTGTAGC TCAGGGCGTG CACTGTGAGG CTGGACCTGT1200
45 TGAATCTGCA GGGGGCATCC ATTTAGCTTC AGGTTGTCTT GTTTCTGTAT ATAGTGACAT1260
 AGCATTTCTG TGCCATCTTA GCTGTGGACA AAGGGGGGTC AGCTGGCATG AGAATATTTT1320
 TTTTTTTAAG TGCGGTAGTT TTTAACTGT TTGTTTTTAA ACAAACTATA GAACTCTTCA1380
 TTGTCAGCAA AGCAAAGAGT CACTGCATCA ATGAAAGTTC AAGAACCTCC TGTACTTAAA1440
 CACGATTGCG AACGTTCTGT TATTTTTTTT GTATGTTTAG AATGCTGAAA TGTTTTTGAA1500
50 GTTAAATAAA CAGTATTACA TTTTAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 1562
 AA

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 616:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2278 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 616

20 GGCAATTTC GTTAGGTGCT GAAGGCTGTG GCGCGCGGCT GTCCCCATTC CCACGTGAAG 60  
CGCTACGCTA GCATCGCTCG GCTGGCGGCT CCCAGCTCGC CGCGGAGCAG TCCCGGCAGC 120  
AGCGGGGGAC CGGAAGTGGC TCGCGGAGGC TCAGAAGCTA GTCCCGGAGC CCGGCGTGTG 180  
GCGCCTCGGA GCACGGTGAC GCGGCCATGT CCCTAATCTG CTCCATCTCT AACGAAATGC 240  
25 CGGAGCACCC ATGTGTATCC CCTGTCTCTA ATCATGTTTA TGAGCGGCGG CTCATCGAGA 300  
AGTACATTGC GGAGAATGGT ACCGACCCCA TCAACAACCA GCCTCTCTCC GAGGAGCAGC 360  
TCATCGACAT CAAAGTTGCT CACCCAATCC GGCCCAAGCC TCCCTCAGCC ACCAGCATCC 420  
CGGCCATTCT GAAAGCTTTG CAGGATGAGT GGGATGCAGT CATGCTGCAC AGCTTCACTC 480  
TGCGCCAGAG CTGCAGACAA CCGGCCAAGA GCTGTACAC GCTCTGTACC AGCAGCATGC 540  
30 CGCCTGCCGT GTCATGTCCC GTCTCACCAG GGAAGTCACT GCTGCCCGAG AAGCTCTGGC 600  
TACCCTGAAA CCACAGGCTG GCCTCATTGT GCCCCAGGCT GTGCCAAGTT CCCAACCAG 660  
TGTTGTGGGT GCGGGTGAGC CAATGGATTT GGGTGAGCTG GTGGGAATGA CCCCAGAGAT 720  
TATTGAGGAG CTTCAGACA AAGCCACTGT GCTAACCACG GAGCGCAAGA AGAGAGGGAA 780  
GACTGTGCCT GAGGAGCTGG TGAAGCCAGA AGAGTCAGC AAATACCGGC AGGTGGCAGC 840  
35 CCACGTGGGG TTGCACAGTG CCAGCATTCG TGGGATCCTG GCCCTGGACC TCTGCCCGTC 900  
CGACACCAAC AAGATCCTCA CTGGTGGGGC GGATAAAAAT GTCGTTGTGT TTGACAAAAG 960  
TTCTGAACAA ATCTGGGCTA CCTCAAAGG CCATACCAAG AAGGTCACCA GCGTGGTGT 1020  
TGACCCCTCC CAGGACCTGG TGTCTTCTGC TTCCCGCGAT GCCACTATCA GGATTGGTCT 1080  
GGTCCCCAAT GCCTCTTGTG TACAGGTGGT TCGGGCCCAT GAGAGTGCTG TGACAGGCCT 1140  
40 CAGCCTTCAT GCCACTGGCG ACTATCTCCT GAGCTCCTCC GATGATCAGT ACTGGGCTTT 1200  
CTCTGACATC CAGACAGGGC GTGTGCTCAC CAAGGTGACA GATGAGACCT CCGGCTGCTC 1260  
TCTCACCTGT GCACAGTTCC ACCCTGACGG ACTCATCTTT GGAACAGGAA CCATGGACTC 1320  
TCAGATCAAG ATCTGGGACT TGAAGGAACG TACTAATGTG GCCAACTTCC CTGGCCACTC 1380  
GGGCCCCATC ACTAGCATCG CCTTCTCTGA GAATGGTTAC TACCTGGCTA CAGCGGCTGA 1440  
45 TGACTCCTCT GTCAAGCTCT GGGATCTGCG CAAGTTAAGA ACTTTAAGAC TTTGCAGCTG 1500  
GATAAACAAT TTGAGGTAAA GTCAGTGATC TTTGACCAGA GTGGTACCTA CCTGGCTCTT 1560  
GGGGGCGACG ATGTCCAGAT CTACATCTGC AAACAATGGA CGGAGATTCT TCACTTTACA 1620  
GAGCATAGCG GCCTGACCAC AGGGGTGGCC TTCGGGCATC ACGCCAAGTT CATCGCTTCA 1680  
ACAGGCATGG ACAGAAGCCT CAAGTTCTAC AGCCTGTAGG CCCTGGCCCT TCTGATGGAA 1740  
50 GCTGGGCCCTC ATCTCAGTAG AGGGGTAGAA TTAGGGTTTG GGGGGGGGTG GGGGGAATCT 1800  
ATGGGGGGAG GGGGCTCTGT GGGGTGGGAC ATTCACATCA TTCACTCTG GTCTGAGTGG 1860  
TGGCCTGAGA ACCATGGTGG CATGGACCAC CCTCATCCAT GCAACTCCAG GCCCCATGGG 1920  
AACGGATGTG GAAGGAAGAA CTGTCAACCCT CTTAAGGCCC AGGGTCGGAG CCCAGGCCTT 1980  
CTCCCTTCCT GTCGTTCAAT GGACGTGGTG GTGGCTGTTT CACACCCATT TTGTTGAGCT 2040  
55 CCTGTGAGA CAGGAGAGGC TGAGCCAAGG GAACTGTGAA GGGGATGGGC AGGAGGCTT 2100  
GTGCAGGGTT TTGTAAGCAG TGATCTAGTT TCATTAAAAA AAGAAAACAA TAACCATAAC 2160  
CACCTCCCGG TGTCTGTCTG CACCAGGAGC ACCTGGGACT GGGGAAGTCAA GGGGAGGGAG 2220  
CACACACTGG GACACTGGCT TCCGGGAAGC CCATCTTCTT TTCCTTTCAC AGCTCTTA 2278

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 617:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 5 (A) LÄNGE: 931 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 617

25 CAGGGGCGTG CAGCCCGCTT GCCAATCAGA GCGCGGCTGA GCGGCCCCGC AGCCAACCCC 60  
CGAGGAGCGG CCGGCTGGCG TCCGCCGCGC CCAGGAGTTG GGGATGTCCT ACAAACCCAT120  
CGCCCCTGCT CCCAGCAGCA CCCCTGGCTC CAGCACCCCT GGGCCGGGCA CCCCAGTCCC180  
TACAGGAAGC GTCCCGTCGC CGTCGGGCTC AGTGCCAGGA GCCGGCGCTC CTTTCAGACC240  
30 GCTGTTTAAC GACTTTGGAC CGCCTTCCAT GGGCTACGTG CAGGCGATGA AGCCACCCGG300  
CGCCCAGGGC TCCCAGAGCA CCTACACGGA CTGCTGTCA GTCATAGAGG AGATGGGCAA360  
AGAGATCCGG CTACCTATG CTGGCAGCAA GAGCGCCATG GAGCGCCTGA AGAGAGGTAT420  
CATCCATGCC CGGGCCCTAG TCAGAGAGTG CCTGGCAGAG ACAGAGCGGA ACGCCCGCAC480  
GTAACAGGAA GCGCCTCGGC CTCAGCGTCT GGACCTATCC GGCCACTGCA GAGCACCCGC540  
35 TTCTCCCTGG CCTTCATCCC GAGTTGCACT AACCATCCTG GGCTTCCTGT CCTGTGTCCC600  
TTGGTGGGTC CCCTCCAGGA ACCAAGGAGT GGCCCTCCAG GTGGCAGCAC TAAGGACACC660  
CCCCACAAC AAGAGTTAGC AGCGAGGTCC CCATGAGTCC CACCCATGAC CTGCCGACAG720  
TGTTGCCCCAC CGGAACTTT GTGGCCCCTA CCGCTCAGCC CTTCCAGCA CTTCTCCCAC780  
TTTGTCCCGA GCCTCCTTCT CGCCCAGCAG GGGCACAGGC CTGGCACCTC CCTGCCTTGT840  
40 GTCCTGAGCC ATAGTGACTC TTTTATCTGT GTGTCTTTT CTAAATATGC CCTTTTATA900  
TTAATAAAAG ATGATTGGA GTTGTGCTCT C 931

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 618

- 45 (A) LÄNGE: 447 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 618:

ELPSSPPPGGL PEVAPDATST GLPDTFAAPE TSTNYPVECT EGSAGPQSLP LPILEPVKNP 60  
CSVKDQTPPLQ LSVEDTTSPN TKPCPPTPTT PETWGGGGGG APSSTPCSAH LTPSSLFSS120  
LESSSEQKFY NFVILHARAD EHIALRVREK LEALGVDPGA TFCEDFQVPG RGELSCLQDA180  
10 IDHSAFIILL LTSNFDCLRS LHQVNQAMMS NLTRQGSPDC VIPFLPLESS PAQLSSDTAS240  
LLSGLVRLDE HSQIFARKVA NTFKPHRLQA RKAMWRKEQD TRALREQSQH LDGERMQAAA300  
LNAAYSAYLQ SYLSYQAQME QLQVAFGSHM SFGTGAPYGV RMPFGQGQPL GAPPPFPTWP360  
GCPQPPPLHA WQAGTPPPPS PQPAAFPQSL PFPQSPAFPT ASPAPPQSPG LQPLIIHHAQ420  
MVQLGLNNHM WNQRGSQAPE DKTQEAE 447

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 619

(A) LÄNGE: 205 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 619:

ADAGGGTERS LLSLPPELLV LPGTDGAAPG GFWEPHVIWD WGALWGQNAL WPGGAPGSPA 60  
TLSHLAGVPA AATPARMAGW HPPTALPTAS SLSTVTALPA VPSLPYGLTR TPSEPRATP120  
35 HYPFRDGTGTA GAEQPHVEPE RVPGARGQDA GGRMTACPCL TTWGTPLDPG IGQDPIEHPG180  
LPCALWTVED EVICHFQDIV REFFI 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 620

(A) LÄNGE: 409 Aminosäuren  
40 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 620:

5 KSRLSVTLMP VQLSEHPewn ESMHSLRISV GGLPVLASMT KAADPRFRPR WKVILTFVVG 60  
 AAILWLLCSH RPAPGRPPH NAHNWRLGQA PANWYNDTYP LSPPQRTFAG IRYRIAVIAD120  
 10 LDTEPTAQDE NTWRSDLKKG YLTLSDSGDK VAVEWDKDHG VLESHLAEKG RGMELSDLIV180  
 FNGKLYSVDD RTGVVYQIEG SKAVPWVILS DGDGTVEKGF KAEWLAVKDE RLYVGGLGKE240  
 WTTTGDVNV ENPEWVKVVG YKGSVDHENW VSNYNALRAA AGIQPPANLI HESACWSDTL300  
 QRWFFLPRRA SQERYSEKDD ERKGANLLS ASPDFGDIIV SHVGAVVPTH GFSSFKFIPN360  
 15 TDDQIIIVALK SEEDSGRVAS YIMAFTLDGR FLLPETKIGS VKYEGIEFI 409

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 621

(A) LÄNGE: 249 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 621:

30 KLSPDGLAQC FRFELNELDA FVFHASDLGL RQGEAPVQRE GHDVGGDSAA VLLGFEGHND 60  
 LVVGVGDELE GREAVSGDHR PDVAHSDVAE VRGGAQQQVG ALALVVLLAV ALLAGAARQE120  
 EPALQRVTPA GRMLDEVSWR LDAGSSPQGV VVGHPVLVVH AALVAHHLHP LRVLVHHITR180  
 SGRPLLAQAA HVQTLVLHCQ PFGLEAFLHG AVAVGQNHGP HGFAAFDLVD DPRPVIHGVE240  
 FPIENNQVG 249

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 622

35 (A) LÄNGE: 255 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 622:

50

AAAPVSLHDA AGDLRRDPGG GGGGGVPHGG GEGQEVVPAE PGVPAPQHA E PVAAGAAQ 60  
 LQTEEQPGLQ RLRLGPVRGA ARGGDARVRG PRGDRRVNPE SARALLPGDP QGPGTAAPRA120  
 LGLPPRCEPV GAPLAALALA RERRERGRFP RPKCKLFFNS SQCELCCECV RGGAPALSRR180

RVATPCPCPM VCNSDFAHRS TVPPSAHPFT LTPTLSLNTF IIVRRGRWDF GRSAAATASG240  
GLIFIFALRW LKAFI 255

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 623

- 5 (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 623:

INAFSHRNAK ININPPDAVA AALRPKSQRP RLTIKVFSE SVGVSVNGCA LGGTVERCAK 60  
SELQTIGQGH GVATRRRLSA GAPRTHSQQ SSHWHEELKNK HLQGRGKRPR SRRSRARASA120  
ARGAPTGSQR GGSPSARGAA VPGPCGSPGS RARALSGFTR RSPRGPRTRA SPPRAAPLTG180  
PSRSRWSPGC SSVCSG 196

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 624

- (A) LÄNGE: 242 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 624:

45 VESHRRATH TTVRSPETAR GWKPWPHRLS RYVHSPGRQP HGHGQHLFCF SGRRAFGGHP 60  
RQGARASLLA LGLENSPGGS SPEERLGRLA VAGPPRGAQN VSQAGPEAEA PPLRFGHAWG120  
AQTPLRGAPG PWTPLPTLPS HIPPFWSQTP AQRKEGFTEE GQGRAWPQGG DEDISGPGSC180  
RLLWEEPCV CKLLGLAARP TAGPSLDPCT WPSSCPLAAP GLGTGIEPRG LGWLQGQRDR240  
EG 242

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 625

- 50 (A) LÄNGE: 216 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 625:

15 GLVMPGELRR PGLGPQAHGL PSPLCPPIFP LFGPRHQHKE RRGSRQKARA EPGPREGMRT 60  
FPVQVAAGCS GRKSHASVNC WGW RPAPLQG PALTPARGHP AALWLPLALA QASSLEGWAG120  
WARAGTGRGS TSDPDVGWLC PPRREAQOTS YTKAKSTIGE PRSHFMGRRP RPQGPQSKAR180  
GRFIPEDSFP GAAPAWGGVS RPLGCLSVCG TPWSTP 216

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 626

(A) LÄNGE: 299 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 626:

PGISVSVDKM ESSPFNRRQW TSLSLRV TAK ELSLVNKNKS SAIVEIFSKY QKAAEETNME 60  
KKRSNTENLS QHFRKGT LTV LKKKWENPGL GAESHTDSL R NSSTEIRHRA DHPPAEVTSH120  
AASGAKADQE EQIHPRSLR SPPEALVQGR YPHIKDGEDL KDHSTESKKM ENCLGESRHE180  
40 VEKSEISENT DASGKIEKYN VPLNRLKMMF EKGEPTQTKI LRAQSRASAG RKISENSYSL240  
DDLEIGPGQL SSSTFDSEKN ESRRNLELPR LSETSIKDRM AKYQAAVSKQ SSSPTIPMS 299

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 627

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 627:

DSAPSPGFESH FFFNTVRVPF LKCWERFSVL LLFFSMFVSS AAFWYLENIS TIADDLFLLT60  
RESSLAVTLN DSEVHCRLN GDDSILSTD EIPG 94

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 628

(A) LÄNGE: 765 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 628:

IRPVVQLTAI EILAWGLRNM KNFQMASITS PSLVVECGGE RVESVVIKNL KKTPNFPSSV 60  
LFMKVFLPKE ELYMPPLVIK VIDHRQFGRK PVVGQCTIER LDRFRCDPYA GKEDIVPQLK120  
30 ASLLSAPPCR DIVIEMEDTK PLLASKLTEK EEEIVDWWSK FDASSGEHEK CGQYIQKGY5180  
KLKIYNCELE NVAEFEG LTD FSDTFKLYRG KSDENEDPSV VGEFKGSFRI YPLPDDPSVP240  
APPROFREL PDSVPQECTVR IYIVRGLELQ PQDNNGLCDP YIKITLGKKV IEDRDHYIPN300  
TLNPVFGRMY ELSCYLPQEK DLKISVYDYO TFTRDEKVG E TIIDLENRFL SRFGSHCGIP360  
EEYCVSGVNT WRDQLRPTQL LQNVARFKGF PQPILSEDGS RIRYGGRDYS LDEFANKIL420  
35 HQHLGAPEER LALHILRTQG LVPEHVETRT LHSTFQPNIS QGKLQMWVDV FPKSLGPPGP480  
PFNITPRKAK KYLRVLIWN TKDVILDEKS ITGEEMSDIY VKGWIPGNEE NKQKTDVHYR540  
SLDGEENFNW RFVFPFDYLP AEQLCIVAKK EHFWSIDQTE FRIPPRLLIQ IWDNDKFSLD600  
DYLGFLELDL RHTIIPAKSP EKRLDMIPD LKAMNPLKAK TASLFEQKSM KGWWPCYAEK660  
DGARVMAGKV EMTLEILNEK EADERPAGKG RDEPNMNPKE DLPNRPETSF LWFTNPCKTM720  
40 KFIWRRFRKW VIIGLFLLI LLLFVAVLLY SLPNYLSMKI VKPNV 765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 629

(A) LÄNGE: 289 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 629:

5 ETQVVIQRKL VIVPYLNDQP GWDSKFRLVN TPEMLFFRND TELFGWKVVK RENKSPVKIP 60  
 FTIQRSVMDI CFLFVFFIAR NPAFDVDVTH FLSCDAFLVQ DNVLGVPDDH TQVVFLGFPG120  
 CDVERRAWWP QTLGENIHPH LKFSLGNVGL EGAVQSPCFH VLRDQPLSPE DVKSKPLFRG180  
 10 PEVLVQDFVG FKFIQAVVSS SISDSTPIFG KDGLWEAFES GDILKQLCWS QLISPGIDSR240  
 NTVLLWYAAV GPKAGKESVF QINNCFSYFF IPGKGVIID RNFQVFFLR 289

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 630

(A) LÄNGE: 824 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 630:

RVSVLAAASS ALPVAPREAG VTNWPAGCVP EVRSTGEKEV AKTLHRRSRP EWCGARDPPA 60  
 30 MLLFVLTCLL AVFPAISTKS PIFGPPEEVNS VEGNSVSITC YYPPTSVMNRH TRKYWCRQGA120  
 RGGCITLISS EGYVSSKYAG RANLTNFPEN GTFVFNIAQL SQDDSGRYKC GLGINSRGLS180  
 FDVSLEVSQG PGLLNDTKVY TVDLGRTVTI NCPFKTENAQ KRKSLYKQIG LYPVLVIDSS240  
 GYVNPNTYGR IRLDIQGTGQ RLFSVVINQL RLSDAGQYLC QAGDSDNSNK KNADLQVLKP300  
 EPFLVYEDLR GSVTFHCALG PEVANVAKFL CRQSSGENCD VVVNTLGKRA PAFEGRILLN360  
 35 PQDKDGSFSV VITGLRKEDA GRYLCGAHSD GQLQEGSPIQ AWQLFVNEES TIPRSPTVVK420  
 GVAGGSVAVL CPYNRKESKS IKYWCLWEGA QNGRCPLLVD SEGWVKAQYE GRLSLLEEPG480  
 NGTFTVILNQ LTSRDAGFYW CLTNGDTLWR TTVEIKIIEG EPNLKVPGNV TAVLGETLKV540  
 PCHFPCCKFSS YEKYWCKWNN TGCQALPSQD EGPSKAFVNC DENSRLVSLT LNLVTRADEG600  
 WYWCQGVKQH FYGETAAYV AVEERKAAGS RDVSLAKADA APDEKVLDSG FREIENKAIQ660  
 40 DPRLFAEKA VADTRDQADG SRASVDSGSS EEQGGSSRAL VSTLVPLGLV LAVGAVAVGV720  
 ARARHRKNVD RVSIRSRTD ISMSDFENSF EFGANDNMGA SSITQETSLG GKEEFVATTE780  
 STTETKEPKK AKRSSKEEAE MAYKDFFLQS STVAAEAQDG PQEA 824

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 631

45 (A) LÄNGE: 267 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 631:

ADIAGPRCLP LFNCHIDGCS LSIEVALLHS TPVPALISPG HQVQGQGDGP AVLVTVHEGL 60  
AGAFVLQAGQG LAARVIPLAP VFLVRGEFAW KVTGDLESLS QHSRDIPWYL EVWFSDNLD120  
10 LHGGPPESIA VGQTPVEAGV PAGELVEDDS EGAVAWLLQQ GEALVLGLN PPLAVHQQA180  
AAILGPFPEP PVLDAFAFLT VVGAHGHRA SCHPLHHSQA AGNRGLLIDE ELPGLDRRAF240  
LQLTIRMGST QVAPCILLPQ ACDHHTTE 267

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 632

15 (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 632:

30 GETRVHSQQG GGIKAPSWDW FFREPGPLVK GLLGHVKQYL EQPRPWGYQV ERREGRRLLPC 60  
THLPWWAGFS LLGSTLPSPV HDTDPRASPC PRPSYRLLFQ DITDNPERME KGGAWVPAVS120  
GQKEVACGNL RSPHPRFPKR 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 633

35

(A) LÄNGE: 127 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 633:

VFPCHLVGAG PTPATTSGTA KGSTRCDYPG PCWQLRIPGT CSDPVSGSSE SQEPRMRALC 60

SPSSKTQGSF PRKGAHVPQR GWLPGCYLFY PTSAAESQGE TASHPKPLGF SREKNLSQKH120  
DLFSGCK 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 634

- 5 (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 634:

20 HHQKHMQGKG SYWASGLLSP WLGRKGREDG WGSIFGIDDV HEFGLEGSTT HKEAIHRLA 60  
GQLLAGCPSH RASINDTGAL SHRIRDVLQ PSSELLVYFL GLLGCCSLAS TNGPHRLIGQ120  
DDLAPVLHVI CDDLLVWVEG 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 635

- 25 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 635:

40 KVIADNVKDW SKVVLAYEPV WAIGTGKTAT PQQAQEVHEK LRGWLKSNVS DAVAQSTRII 60  
YGGSVTGATC KELASQPDVD GFLVGGASLK PEFVDIINAK Q 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 636

- 45 (A) LÄNGE: 329 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 636:

DSIFPLWAVL ALSPPGIRVR MKKSSVSGMT AAGWVWGEA EGKAALRLGV EFLEVWGGGR 60  
VFNLEKSQPA RAERECERGS SEGARNGVGG SGGRSVAVAL VHQGVRLLG DLQQRVHVGA120  
APAPQVAGLP PLRAALVVVG AHLHHLGGLE HFHLALADLL DVEGEGWHLV DRGLGARVHH180  
15 VVGREGFAQL VPRRLQFLAP LGGHQARAQL VHALQGVPR LLQVFLGLEA RLLQVLAGTH240  
LGLLHLLLGE GLLEVVAHQ ALRLIRSARD SSITSSTSTA SDESSSAAA SSSGRSPSPS300  
SSPSFSGSAS DSFSDLMLLS LAGSFTSSW 329

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 637

20 (A) LÄNGE: 362 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 637:

35

GRLPGYPDRR GPGASSAGAQ AAEEPSGAGS EELIKSDQVN GVLVLSLLDK IIGAVDQIQL 60  
TQAQLEERQA EMEGAVQSIQ GELSKLGKAH ATTSNTVSKL LEKVRKVSVN VKTVRGSRLER120  
QAGQIKKLEV NEAELLRRRN FKVMYQDEV KLPKLSISK SLKESEALPE KEGEELGE180  
RPEEDAAALE LSSDEAVEVE EVIEESRAER IKRRACGAWT TSRRPSPRRR WRRPRCVPAR240  
40 TWRRRASRPR KTWRRRGTPW RSA 263

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 638

45 (A) LÄNGE: 205 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 638:

SGDLRLLVDT SKVQEAUVPS QDTHHTQELL AVQGSLSVSGY RPPGGFGAAP VHEDPHLLGP 60  
ASRGAPETAA FFFFFFFF EQHLRVGLLL LPPRLSPRPG PAWPVPNPVG WPGHLHQGGQ 120  
LLAGTNKPFH LAMVVVFSMD RGPETRAGRG REHTSLGVGT SLXTPQQLXG PRXXFPXAVQ 180  
10 ASPXPGVCSL AWVELCHIXD KQXGG 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 639

(A) LÄNGE: 171 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
15 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 639:

PVTPRDXPGA GGSXEGPMQ HPGQSRPXPL AXPAPXWLM APCGALTCWA RLXLGLSAPX 60  
30 LLIXDVTELD PSQAAHSWTW ASLHCXGKXX PRAXKLLRGX EAGAHPQASV FSAPPCPRFR120  
ASVHREHHHH QQVEGFISPC QQLSSLVQVA WPAHWIGDGP GWARSGAQSG R 171

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 640

(A) LÄNGE: 161 Aminosäuren  
35 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 640:

ISRNEGVIVR GPKSPRSLLR SHSEPPALVL WRDHRLVPGT DYCKDTALVP TEKNTGQOEH 60  
TFSQYLATPH SELTITHGKW VHSSLWSDPA GLGRQEQHSS SSLSPRQRES LNCKRSGAYT120  
VREKEKGGRK GFSPRPPRDA HREGGKEREK SVLESEATLS K 161

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 641

- 5 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 641:

20 CAYRTEKWKS HTPPCSPEVK LVLTLALRAF SSMEPLGLGR KARVSAHRHT SYLQDIDCLC 60  
RGSTGQPTAN TAASLVASL LPVHPGDYSW INLPKNSAFI MSLFCSKTQN GSLPPRGRPS120  
HHCIPNR 127

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 642

- 25 (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 642:

40 WGXGRVRVXG WXRKPMKXGI PPEXHGPITA DHRXLXXLP PXGXRCXXAD PKGXGLXALF 60  
XKXPPXEXCL LSXXPPXPVT HRAGMEFNGX FWXXTLVHGQ TSLXGYXTR LKXKIVCCHS120  
SGXWSVCG LH RFHRNQ 136

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 643

- 45 (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 643:

10

GRXSRAWGLG CPSLLSPISL RLPVPPPRPP NLRPPATPGA PTXPXONTAX LKXLELSXX 60  
LSGLGLMGXR AGTCTWVAXE AHEDXDTPRV PWTXYXRWSS XPXAIATXGX SLXXGRPQRE120  
XPXRVVXKXT TX 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 644

15

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 644:

GVETTANSST SLRSTTLEKE VPVIFIHPLN TGLFRIKIQG ATGKFNMVIP LVDGMIVSRR 60  
ALGFLVRQTV INICRRKRLE SDSYSPMSA GNRKSPTLST STGTSSWSQS FILHFSRRLD120  
SRTAVLRPLN F 131

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 645

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 645:

LTNMSDHLFG WLLLEMAVVM FSGLCQPTDP CQVLEILLLP RCYFSAGIKL LXVARPRTSK60  
DSCYSATVYT AHLSSHVLS SLVRLF 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 646

5

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 646:

KAPNPSVLHT VRMQLIADRC CELYICKRCF TTSAGFITAS WSRVAILPAI PAKQTPENYP60  
LRSGVLRKFL EPKIRRNPGI SFLRSKMYQ LRPGEH 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 647

25

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 647:

SSACRCTTRS TGQQAASGR CGGPRGWGPS TGATPRQLTM NIPFQSIHFI TYEFLQEQVN60  
PHRTYNPQSH IISGGLAGAL AAAARGPLDV LR 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 648

45

- (A) LÄNGE: 280 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 648:

AVGSAALFKD GGGGTSAAEA GAAGQRLRSV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSR 60  
LELSVLYKEY AEDDNIYQQK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSL EALLDDSKEL120  
QRFKAVSAKS KEDLVSOQFT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL180  
15 VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIHII ALAQALSVSI240  
QVEYMDRGEG GTTNPHIFPE GSEPKVYLLY RPHYDILYK 280

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 649

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 649:

35 DHLQPQKNLC TCLAPGRGGQ QGSSGLEPAL FVEDIVVSRP VEKVDLGLGA LREDVRIGGA 60  
ALAAVHVLHL DGHAELGQR NDVDVVALLA HGLHLLLAEL LDSPSTLDEV LEELALALQV120  
ARGEQPQVDH KVVGGALVIE GGQQVGDRL LLHLLNQVHE RVVEILNCEF SEALGHQVFL180  
ALGRHSLEPL QLLAVIQQCL QVGESESPIE TVAVRPGLAD VRVLFVEVLD LLLIDVVIFS240  
40 ILLV 244

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 650

(A) LÄNGE: 424 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 650:

5 LTTTCVSSSA PSKTS LIMNP HASTNGQLSV HTPKRESLSH EEHPHSHPLY GHGVCKWPGC 60  
EAVCEDFQSF LKHLNSEHAL DDRSTAQCRV QMQVVQLEL QLAKDKERLQ AMMTHLHVKS120  
TEPKAAPQPL NLVSSVTLSK SASEASPQSL PHTPTTPTAP LTPVTQGSPV ITTTSMTVG180  
10 PIRRRYSKY NVPISADIA QNQEFYKNAE VRPPFTYASL IRQAILESPE KQLTLNEIYN240  
WFTRMFAYFR RNAATWKNAV RHNLSLHKCF VRVENVKGAV WTVDEVEFQK RRPQKISGNP300  
SLIKNMQSSH AYCTPLNAAL QASMAENSIP LYTTASMGNP TLGNLASAIR EELNGAMEHT360  
NSNESDSSPG RSPMQAVHPV HVKEEPLDPE EAEGPLSLVT TANHSPDFDH DRDYEDEFVN420  
EDME 424

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 651

15 (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 651:

STNAGCTAVR ATACKRQRAP ASHDDPPACE VYRTQSRPSA LESGIKCHSL QVRIGGFSTE 60  
LTSYNDPNR PPDSRHPRPL CHHNHQHAG GTHPQAVLRQ IQRAHEVSRY CAEPRIL 117

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 652

35 (A) LÄNGE: 426 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 652:

PEAGLFSCSE QSDFPEHIFI MIHTNLKKKF SCCVLVFLLF AVICVWKEKK KGSYYDSFKL 60

QTKEFQVLKS LGKLAGSDS QSVSSSTQD PHRGRQTLGS LRGLAKAKPE ASFQVWNKDS120  
 SSKNLIPRLQ KIWKNYLSMN KYKVSYPGPG PGIKFSAEAL RCHLRDHVNV SMVEVTDFPF180  
 NTSEWEGYLP KESIRTKAGP WGRCAVVSSA GSLKSSQLGR EIDDHDAVLR FNGAPTANFQ240  
 QDVGTKTTIR LMNSQLVTTE KRFLKDSLYN EGILIVWDPS VYHSDIPKQY QNPDYNFFNN300  
 5 YKTYRKLHPN QPFYILKPOM PWELWDILQE ISPEEIQPNP PSSGMLGIII MMTLCDQVDI360  
 YESLPSKRKT DVCYYYQKEF DSACTMGAYH PLYEKNLVK HLNQGTDEDI YLLGKATLPG420  
 FRTIHC 426

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 653

- 10 (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 653:

25 RCVQGSHEFVL SRKTSLLLAN PPGAAGPSGP QELALLSMGG KVIWVCRPRP IFLRMKTHL 60  
 CWFMTCAAG FGDAEVCRSI SGGLDAVLFF SLWCWLCGLC GTFCPLARCT LGRGGCGCSA120  
 RSVAAARSAP TPVGIGSLC 139

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 654

- 30 (A) LÄNGE: 243 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 654:

50 WRQLARGWGA LSRASCPALP RLANN TVRMA KGDPKKPKGK MSAYAFFVQT CREEHKKKNP 60  
 EVPVNFAEFS KKCSEWRKTM SGKEKSKFDE MAKADKVRYD REMKDYGPAK GGKKKKDPNA120  
 PKRPPSGFFL FCSEFRPKIK STNPGISIGD VAKKLGEMWN NLNDSEKQPY ITKTAKLKEK180  
 YEKDVADYKS KGKFDGAKGP AKVARKKVEE EDEEDGGGGG GGGGGTYSRV GWWSSPKEGE240  
 RRN 243

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 655

- (A) LÄNGE: 110 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 655:

TEQEESSRRWP FGSIRILLLL ASLSWSIILH FPIIAHFICL CHFIKFRFLF PGHRLPPLRA 60  
LLGKFRKIDR DLWVFLMFF SACLHKEGIS GHLALWFLGV TFSHPDCIVR 110

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 656

- (A) LÄNGE: 356 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 656:

VGCSHAAQLH SAPELQTTTQ ELSHALYQHD AACRVIA RL T KEVTAAREAL AT LK PQAGLI 60  
VPQAVPSSQP SVVGAGEPMD LGELVGMTPE IIQKLQDKAT VLTTERKKRG KTVPEELVKP120  
EELSKYRQVA SHVGLHSASI PGILALDLCP SDTNKILTGG ADKNVVVFDK SSEQILATLK180  
GHTKKVTSVV FHPSQDLVFS ASPDATIRIW SVPNASCVQV VRAHESAVTG LSLHATGDYL240  
LSSSDQYWA FSDIQTGRVL TKVTDETS GC SLTCAQFHPD GLIFGTGTMD SQIKIWDLKE300  
RTNVANFP GH SGPITSIAFS ENGYYLATAA DDSSVKLWDL RKLRTLRLCS WITT LR 356

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 657

- (A) LÄNGE: 240 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 657:

LAQIPELDRG VISRCSQVVT ILREGDASDG ARVAREVGH I STFLQVPDLD LRVHGSCSKD 60  
ESVRVELCTG ERAAGGLICH LGEHTPCLDV RESPVLIIGG AQEIVASGMK AEACHSTLMG120  
PNHLYTRGIG DRPNPDSGIG GSRKHQVLGR VKHHAGDLLG MAFEGSQDLF RTFVKHNDIF180  
IRPTSEDLVG VGRAEVQGD PRNAGTVQPH VGCHLPVFAE LFWLHQLLRH SLPSLLALRG240

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 658

(A) LÄNGE: 162 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 658:

35 EHNKSSFIN IKRAYLAKDT QIKESLWLRT QGREVPGLCP CWARRRLGTK WEKCWEGLSG 60  
RGHKSSGGQH CRQVMGGTHG DLAANSCCGG VSLVLPPGGP LLGSWRGPTK GHRTGSPGWL120  
VQLGMKAREK RVLCSGRIGP DAEAEALPVT CGRSALSLPG TL 162

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 659

(A) LÄNGE: 148 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
40 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 659:

5 RLWTAFHGLR AGDEATRRPG LPEHLHGPAV SHRGDQQRDP AYLCWQQRH GAPEERYHPC 60  
PGPSQRVPGR DRAERPHVTG SASASASGPI RPLQSTRFSL AFIPSCTNHP GLPVLCPLVG120  
PLQEPRSGPP GGSTKDTTPQ QELAARSP 148

**Patentanspruch**

- 5 1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
- 10 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No 1-88, 90-96, 98-120, 123-140, 142-144, 597-617.
- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
- oder
- 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
- 20 2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No 1-157, 597-617, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Pankreastumorgewebe erhöht exprimiert sind.
- 25 4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 30 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 35 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 40 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
- 45 8. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.

9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
- 5 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 10 11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 15 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 20 13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 25 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 30 15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 35 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 40 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
- 45 18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
- 50 19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.

20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
- 5 21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 10 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659.
- 15 24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 20 25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenes Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23 binden kann.
- 25 26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Pankreastumor.
- 30 28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Pankreastumor verwendet werden können.
- 35 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617 in sense oder antisense Form.
- 40 30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Pankreastumors.
- 45 31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 158-596, 618-659, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Pankreastumor.
- 50 32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 158-596, 618-659.

- 5 33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- 10 35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-157, 597-617.
- 15 36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33 zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
- 20 37. Verwendung gemäß Anspruch 36, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
- 25 38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

## Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

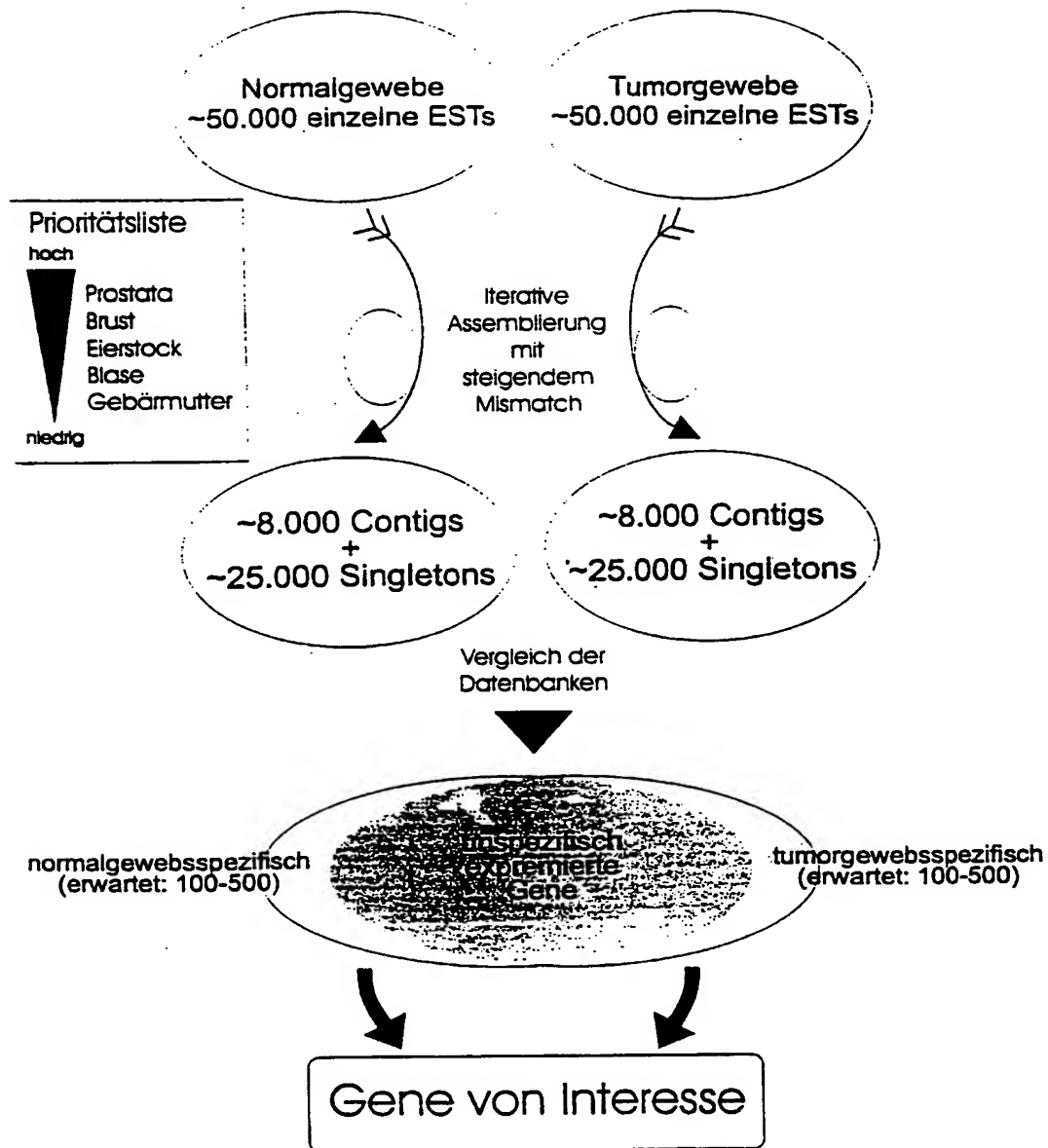


Fig. 1

## Prinzip der EST-Assemblierung

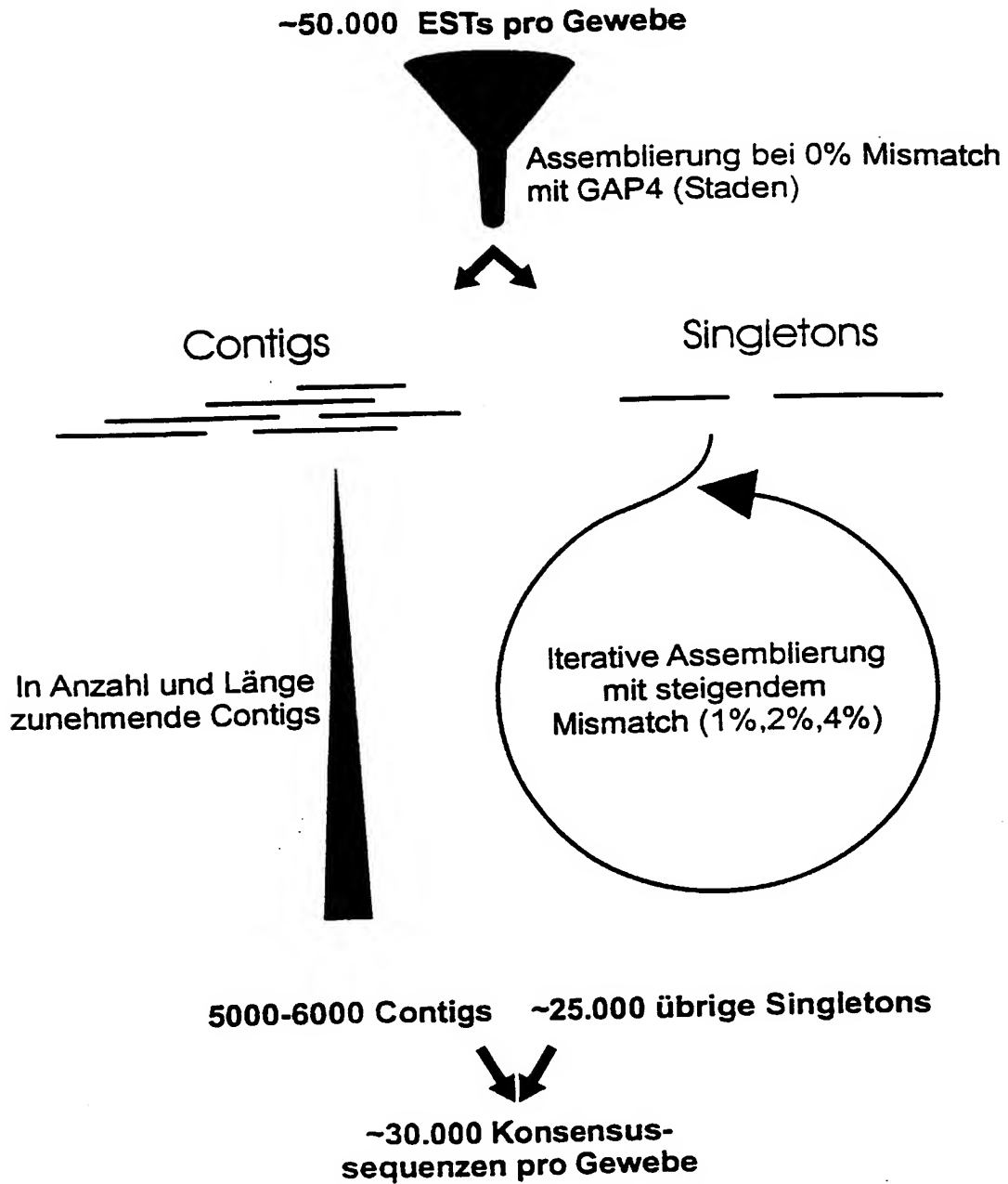


Fig. 2a

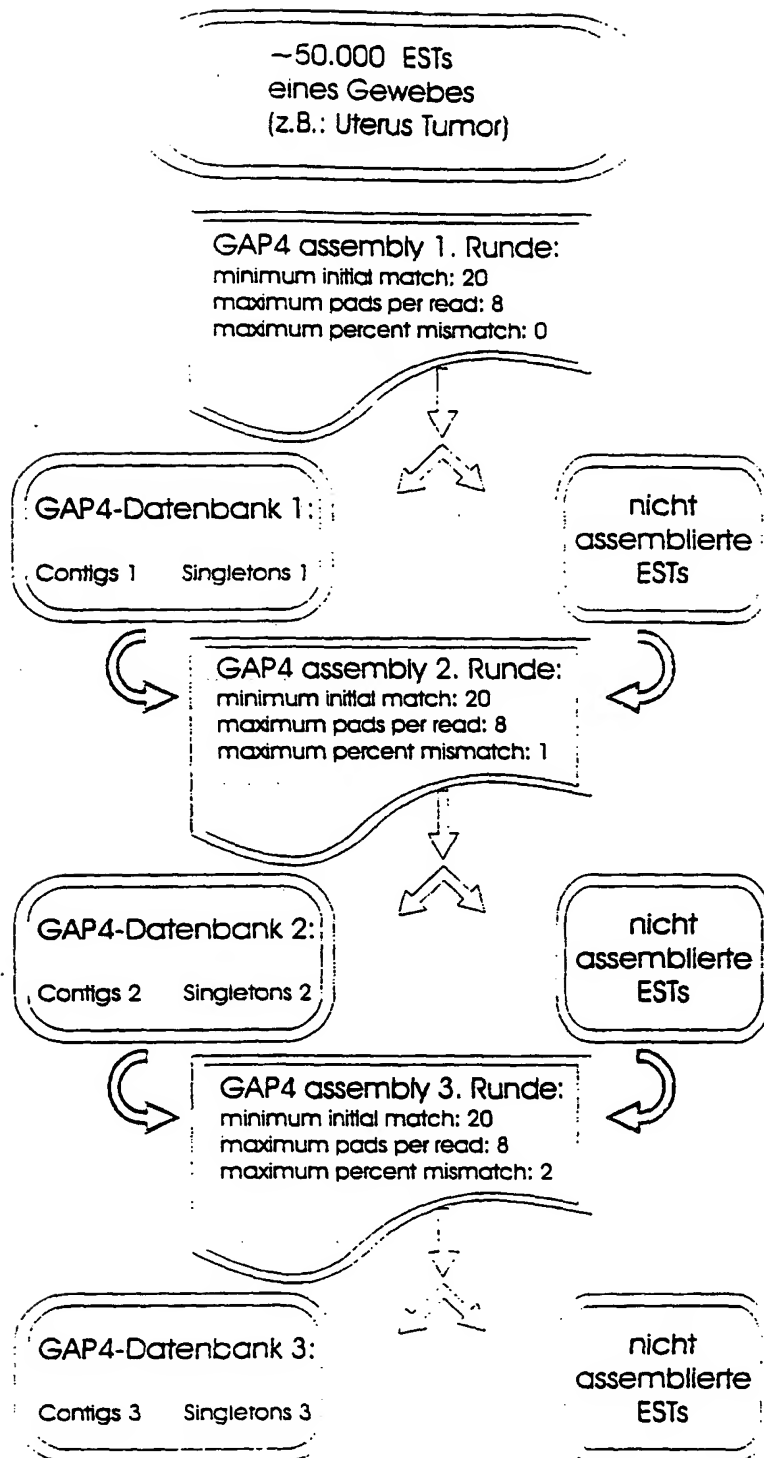


Fig. 2b1

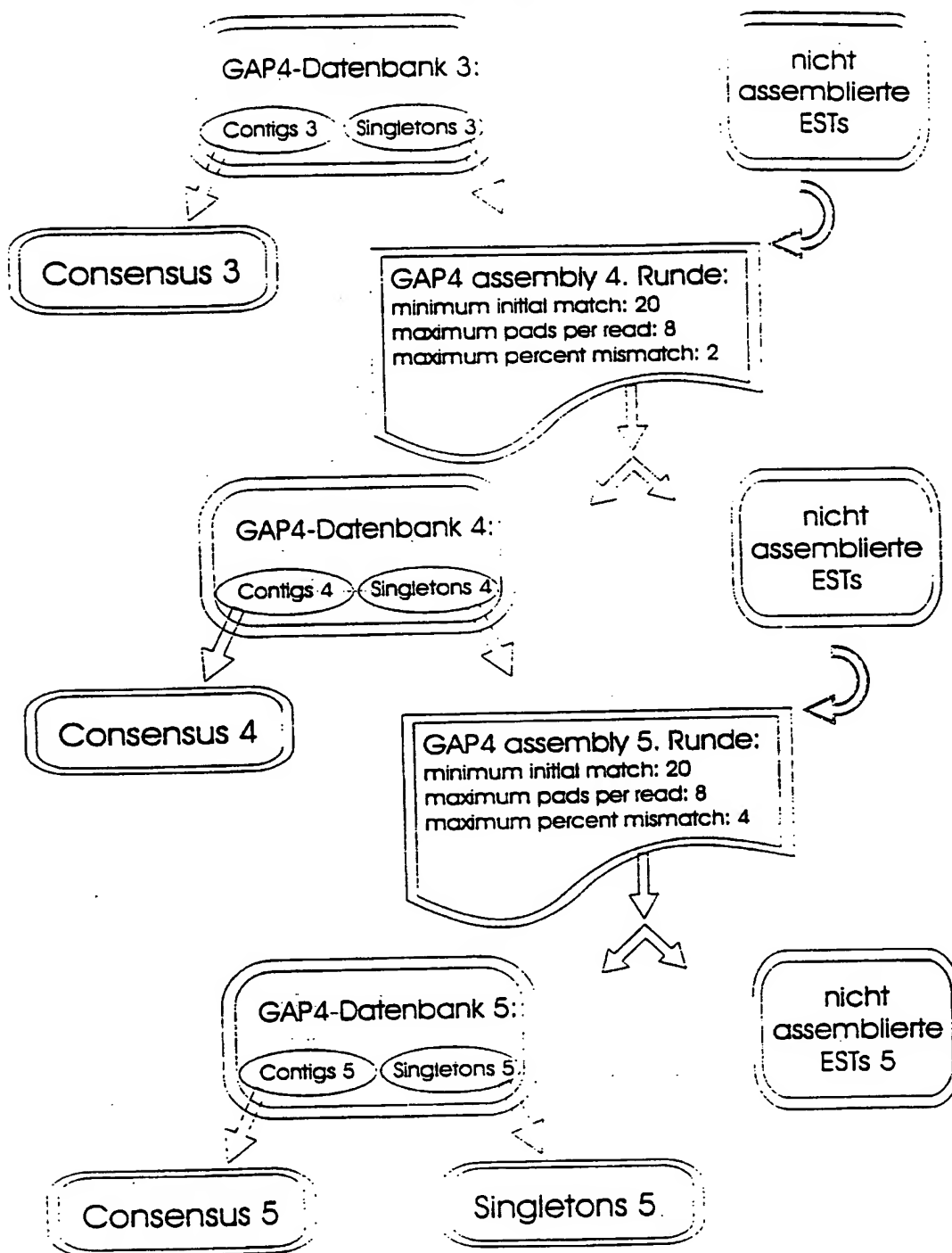


Fig. 2b2

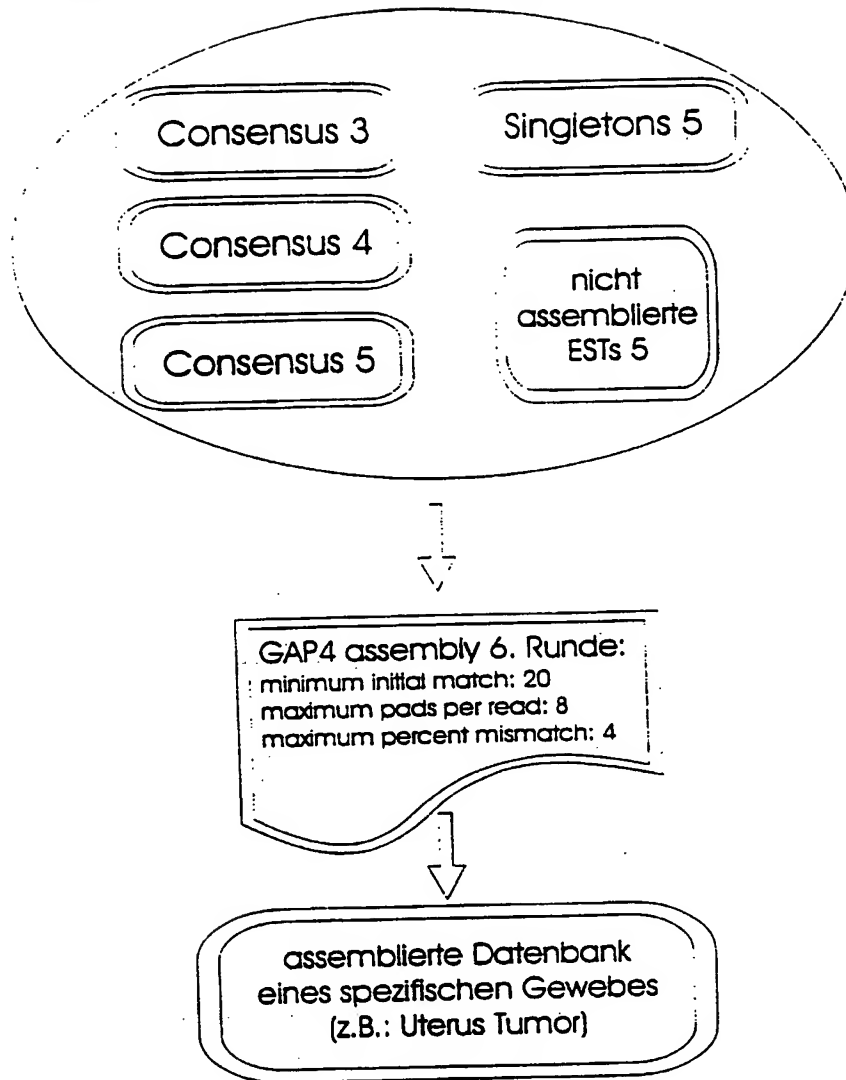


Fig. 2b3

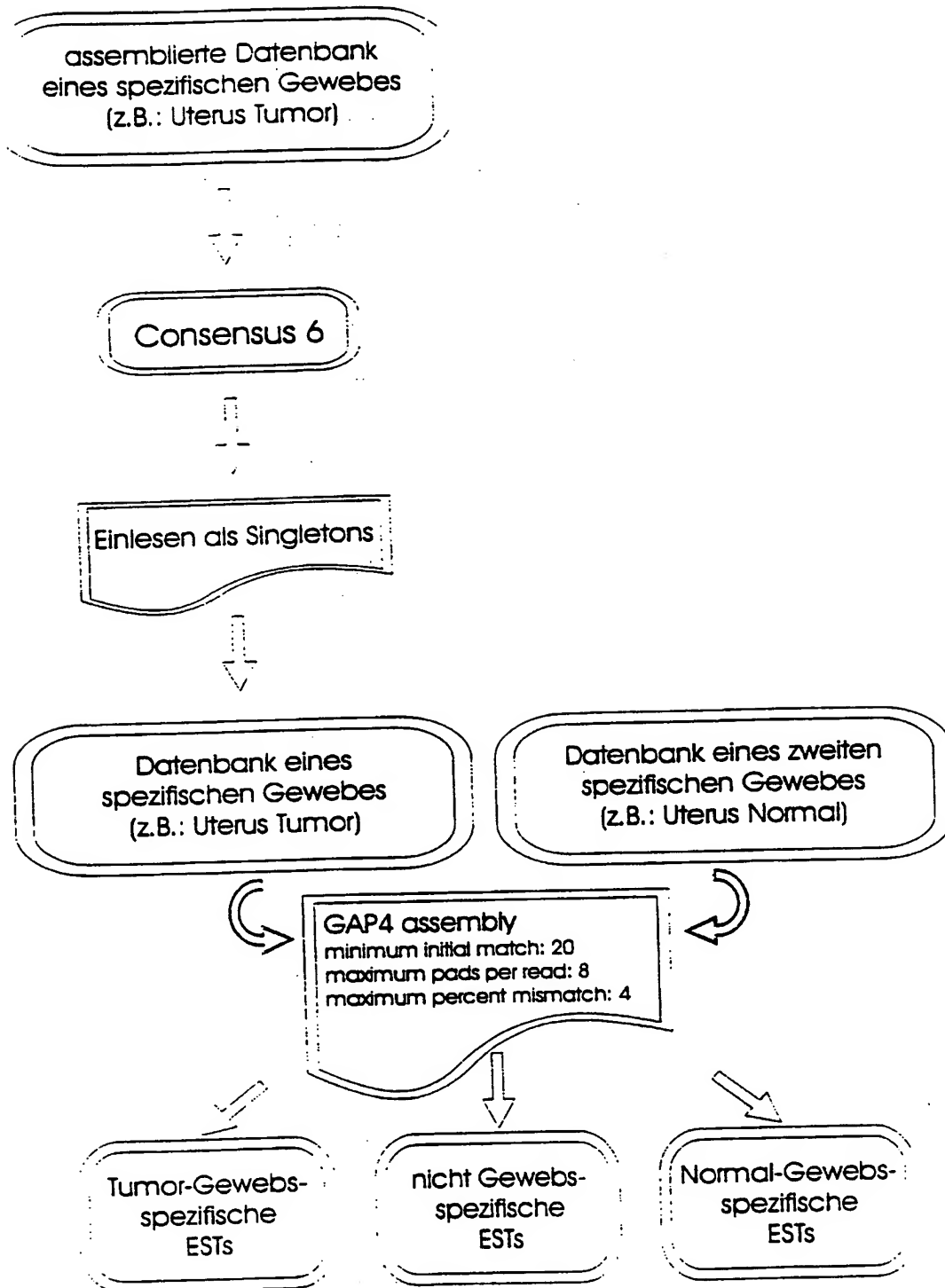


Fig. 2b4

# In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

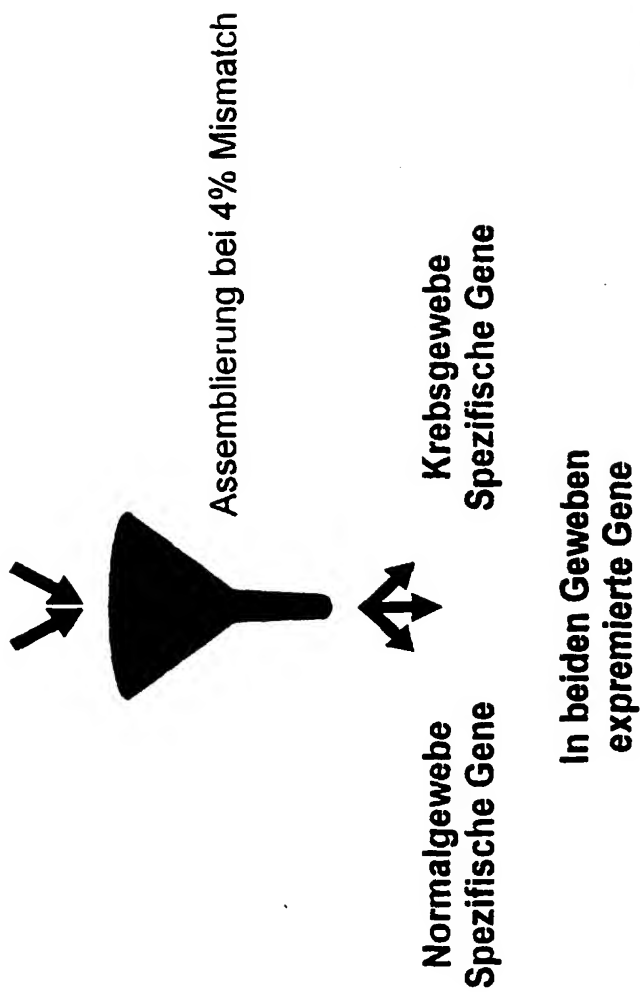
WO 99/55858

7 / 10

PCT/DE99/01258

~30.000 Konsensussequenzen  
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen  
Krebsgewebe



metaGen  
Genexpressionsanalyse

Fig. 3

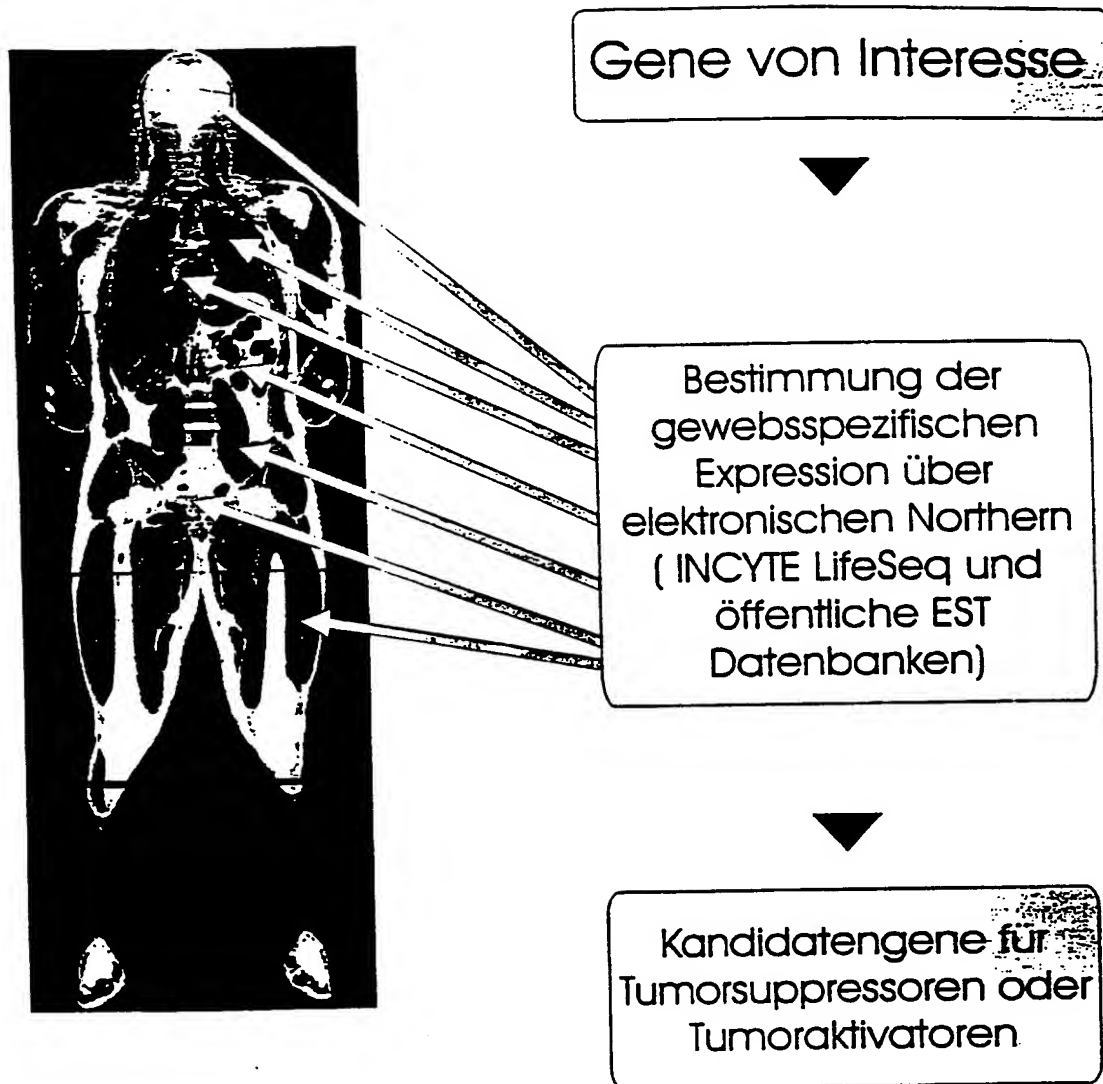


Fig. 4a

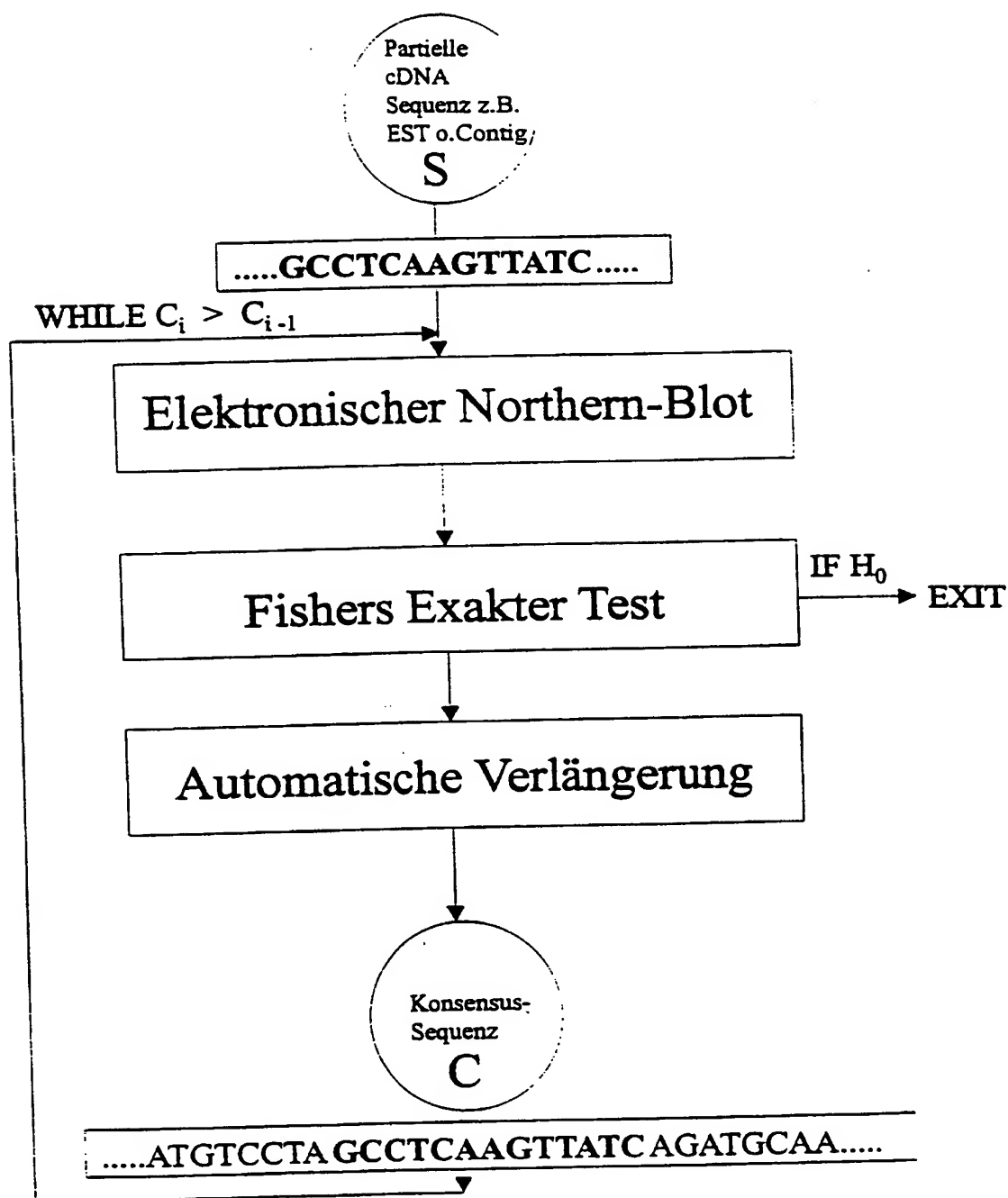


Fig. 4b

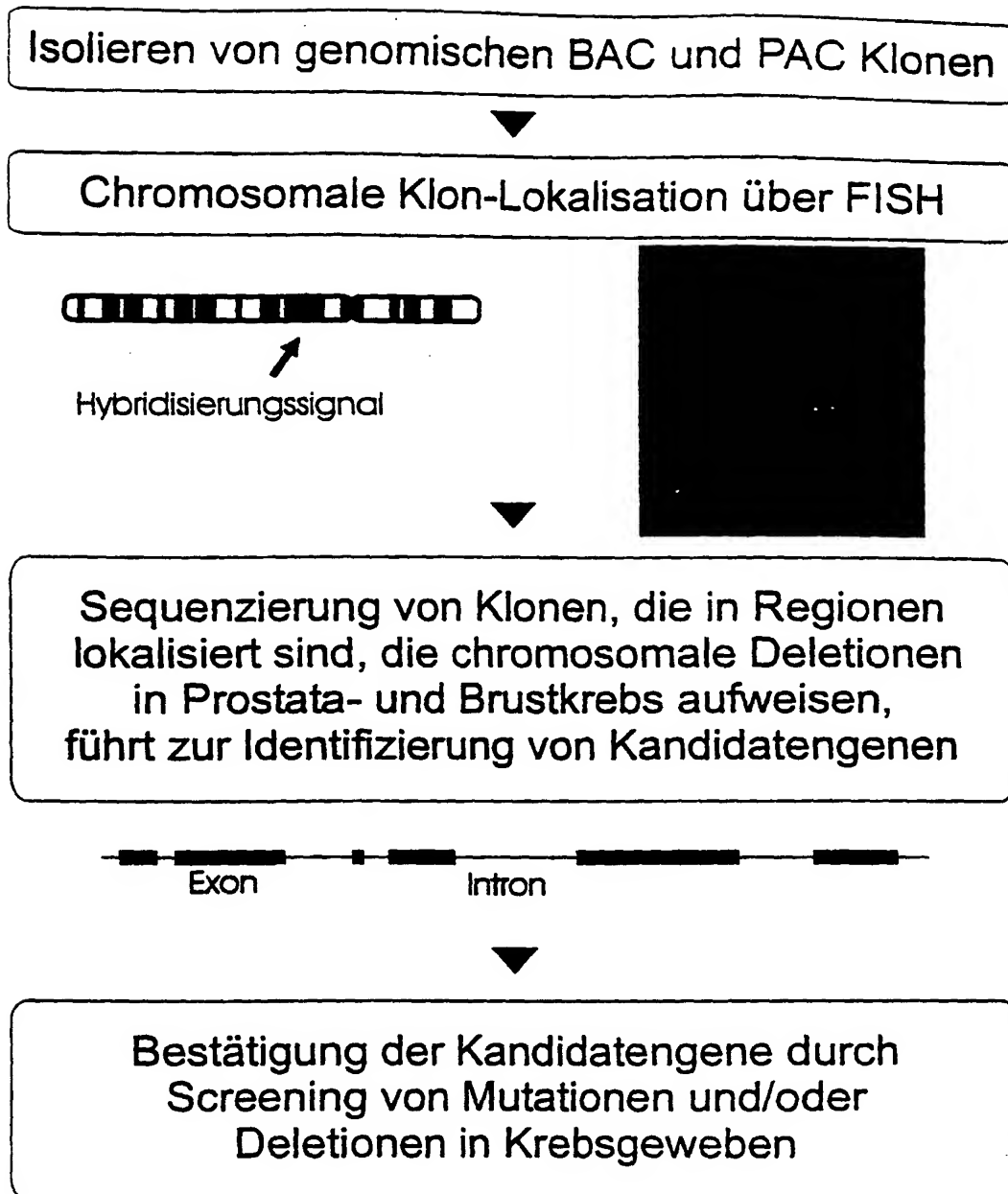


Fig. 5